

1

HP02573	61'	YGRQDLHLRI FDPSPEDIA RADNI FTATERNRIDYSSAVRIDHAPDLPRPEVCFIGRSN
C9pA	1"* * * * * MFFAQPVSFIMGAVRMDAMP PSDLPEVAFAGRSN
HP02573	121'	VGKSSLIKALFSLAPEVEVRVSKKPGHTYKQMNFFKVGHFTVVDMPGYGF-----RAPED
C9pA	35"	***** * * * * VGKSSLINGL--VNQKYLARASNEPGTRQINFFLLAEKVRLVDLPGYGFARVSRSIADK
HP02573	176'	FVDMVETYLKERRNLKRTFLVDSVVGIQKTDNIAIEMCEEFALPYVIVLT KIDKSSKGH
C9pA	93"	* * * * * FQDLGRAYLRGRANLKRVTYVLIDARHGLKVDLEALDVAASVYQIVLTKADKIKPAE
HP02573	236'	LLKQVLQIQKFVNMTQGCFFPQLFPVSAVTFSGIHLRLRCFIASVTGSLD
C9pA	153"	* * * * * VDKVVAE TQKAI AKRAAA -FPRVLATSSSEKGLGMPELRAEIVRLCIDE

2

HP02612 61' KVLGGGRKPRLHRRHRVYKLVEDTKHRPKENLELILTQSVENVGVGDLVSVKKSIGR
RL9_MYCLE 1" *****
MKLILTADV D H L G S V G D T V E V K D G Y G R

HP02612 121' NRLLPQGLAVYASPENKKLFEEKKLLRQEGKLEKIQT KAGEALGVVVA PHTLKLPAEPIT
RL9_MYCLE 28" * * * * *
NFLPHGLAIVASRGAQRQADEIRRAR-ETKAMRDREHANEIKVAIEALGSVSLPMKTVA

HP02612 181' RWGEYWCETVTNGLDVTVRVPMVSVNFEKPKTKRYKYWL A QQA KAMA P T S P Q I
RL9_MYCLE 87" * * * * *
DSGKLFGSVTTAGDVVA A I K K A G G P N L D K R I V R L P K T H I K A V G T H P V S V H L H P E V D V V V L L

☒ 4

HP10120	1'	MQRVSGLLSWTLISRVLWLSGLSEPGAAQPRIMEE-KALEVYDLIRTIRDPEKPNLTLEEL
CEF45G2	1"	MGQERLDNANPTLFDSPKPRHRPVTGTERDESVEPDIDSWEIFDLIRDINDPEHPYTTLEQL
HP10120	60'	EVVSESCEVQEIINEEYLVIRFTPTVPHCSLATLIVGNLHF
CEF45G2	61"	NUVQEELIKV-FIDEEETFVKVNFPTTIPHCSMATLIGLAIRVKLLRSLHPKVKVSVSIT

5

HP10421 1' MAAAGLALLCRRVSSALKSSRLITPQVFACTGFFLSLLPKSTPNVTSTFHQYRLLTHTLS
B0261.4 1" MOEAIVRWSALAAHLLFFGSKVFSKIFYFLMFFKSTWRSPLSVS-SAVRSQNAVNT
* * * * *
HP10421 61' R--KGLEEFFDDPKNWG----QEKVSGAAWTCQQLRNKSNEDLHKLWVVLKERNMLIT
* * * * *
B0261.4 58" RFSSTMKQFFDDEANFGKAELRPKHRPGRSWTAEELRKSNEDLHKLWVVLKERNMLIT
* * * * *
HP10421 115' LEQEAQRQLPMPSPERLDKVVDSDALDKVVQEREDALRLLOTGQERARPGAWRRDIFG
* * * * *
B0261.4 118" MKKAHTSRARNMPNPERLDRVHETMDRIESVVERNDVFRLETG-ESAAPRKRTITSFA
* * * * *
HP10421 175' RIIWHK-FKQWVLPWHL-NKRYNRKRFFALPYVDHFLRIERE---KRARIKARKENLERK
* * * * *
B0261.4 177" GFTYQKQATEHFAPPQLGQKEYETPYLDDDAYVMQKLWQKEEFMKNRDRLDDEKRRART
* * * * *
HP10421 230' KAKILLKKFPHLAEAKSSLV
* * * * *
B0261.4 237" EDMDRFKRGAPRVFNR

6 / 35

义 6

```

HP10582      1'      MDSNHQSNYKLSKTEKKFLRKQIKAKHTLLRHE-GIETVSYATQSLVWANGGLGN
                * . . * . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
YKY5_CAEEL  361"    RELSYFNEEKAKRIGERFEGGKLAUKVHKSIEQLKRHDPDVQISTEPTKYLLVSNSSILC
                * . . * . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
HP10582      55'    GVS RNQLLPV-LEKCGLDALLMPPNKPYPFARYRTTESKRAYVTNLNGKEVVDDLGGQKI
                *** . . * . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
YKY5_CAEEL  421"    GVSLEEELEIFLPDLAEFIVYPNKRYSFVQCSSIEKSIQVRTLHGLIPPSLKNSHQ
                * . . * . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
HP10582      114'   TLYLNFVEKVQWKELRPQALPPGLMVVEEIISSSEEKMLLESVDWTEDTDNQNSQKSLKH
                . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
YKY5_CAEEL  481"    PFAISYVENLPEATKCEDFRPANLKIIEEYVSSDLEKELVDLV-----TNHPSVQSLKH
                * . . * . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
HP10582      174'   RRVKHFGYEFHYENNVVDKDKPLSGGLPDICESFLEKWLKGYIKHKPDOMTINQYEPGQ
                * * * * * * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
YKY5_CAEEL  535"    RAVVHFGHVFDYSTNSASEWKE-ADPIPVINSLDRLISDKYITERPDQVTANVYESGH
                * . . * . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
HP10582      234'   GIPAHIDTHSAFEDEIVSLGSEIVMDFKH--PDGIAVPVMLPRRSLLVMTGESRYLWT
                *** . * * * * * * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
YKY5_CAEEL  594"    GIPSHYDTHSAFDDPIVSISLLSDVVMFEKDGANSARIAPVLLKARSLCLIQGESRYRWK
                * . . * . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
HP10582      292'   HGITCRKFDTVQASESLKSGIITSDVGDLTLSKRGRLRTSFTFRKVRQTPCNC SYPLVCD S
                *** . * * * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
YKY5_CAEEL  654"    HGIVNRKYD-----V-----DPRTNRVVPQTRVSLTLRKIRKPCCEWKEFCDW
                * . . * . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .

```

6 / 1 / 3 5

图 6-1

[illegible]

7

HP10149	1'	MAMSFEPWQYRFPFFFTLQPNVDTRQKQLAAMCSLVLSFCRLHKQSMTVMEA ..***** ..*****
W02A11	1"	MAAATTTASAFKWPWQYDFPFFTIQKSLNTRKQKLEAWARLVIDYAQHNNKIYSLDIAEA ..***** ..*****
HP10149	55'	QESPLFNNVKLQRKLPVESIQIVLEELRKKGNLEWLDKSKSSFLIMWRRPPEEWGKLIYQW ..***** ..*****
W02A11	61"	TTSELFNNQKLNRRRLSTDGVNTVLQYLEQKKLIEFTDNGRTRFRHIFWRRPDVWANNMIYQW ..***** ..*****
HP10149	115'	VSRSGQNNVFTLYELTNGEDTEDEEFHGLDEATLLRALQALQQEHKAEIITV-SDGRGV ..***** ..*****
W02A11	121"	AVENAFINTPLTYEITHGDDTTNESFHNLEREILMKALTCLEEQRRRAQLMNIIGGDNEGV ..***** ..*****
HP10149	174'	KFF **.
W02A11	181"	KFI

8

HP10160 1' MASRGKTETSKLKQNLQDRLMQQLQDLEECREELDTDEYEETKKTLEQLSEFNDSL
 ZK1248 1" MGVDLLIKNAQKTIDRLIRQLAEIEQENNNLEEDYRELREDTVNQLOQYEGKIV
 HP10160 61' KKIMSGNMTLVDELSGMQLAIQAASQAFKTPPEVIRLFAKKQPGQLRTRLAEMDRDLMVG
 ZK1248 56" ERLQGGDVSLDDLTATKIAIRTAISKAFKTPPEIMALFAGKHTGLLREKLMMTETNYSRQ
 HP10160 121' KLERDLYTQQKVEILTALRKIGELKTADDEAFISANAGAILSQFEKVSTDLGSGDKILAL
 ZK1248 116" KMPKQGYLERKFEILMALRRLEETLTEDERKFLSDRLET--PEFQLIEANANRLFSGNVT
 HP10160 181' ASFEVEKTKK
 ZK1248 174" SPVFRVQIMASPKPKKVRLLDDKTENVSPPWKAWWHTEKKRKFYTNDKTESLWDHPNTR

6. ☒ ~~7~~

9/35

```

HP10173 1' MKLLTHNLLSSHVGVSGRGFPLRLQATEVRICPVFNPNFVARMIPKVEWSAFLEAADN
***..***. . ***. * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
C04H5 1" MKLFVHNFMSRFLKNVTGVYPLNLVVKQFVEKDIEFDRDNTIVMLDRIQYEALIVAAAA
***..***. . ***. * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
HP10173 61' LRLIQ-VPKGPVEGYEE-NEEFLRTMHLLLEVEVIEGTLCQPESGRMFPISRGIPNMLL
.. . . . . * .. * .. * .. * .. * .. * .. * .. * .. * .. * .. * .. * ..
C04H5 61" VNQSDRIPREKPEKWEDELTDQRLRVFTHLLMNIDVIDGELICPETKTVFPIRDGIPNMLK
***..***. . ***. * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . .
HP10173 119' SEETES
.. *
C04H5 121" VDAEK

```


10/1/35

10-1

HP02644 300' DDTVIESEALPSDIAAEARAKTGGTVSDQALLFGDDDAGEGSSLIIEKPVFPKONENEEE

CELF55F8 263" -----

HP02644 360' NLDKEQTGNLKGELDDKSATCKAYFKRPILGLVLTPTRELA VQVKQHIDAVARFTGIKTA

. * . . . * * *

CELF55F8 323" -----ALIVAPTRELVIQIMKHINALISTTQLIAT

HP02644 420' ILVGMSTQKQORML--NRRPEIVVATPGRWLWELIKEKHY--HLRNLRLRLCLVVDEADRM

. * . . . * * * *

CELF55F8 383" SIVGGLAQVKQERLIISQORPDIIVATPGRLWAMMQEAEITGEFLAEWKDLKCLVVDETRM

HP02644 477' VEKGHFAELSQLLEMLNDSQYNPKRQTLVFSATLTLVHQAPARILHKKHTKQMDKTKAKLD

. * . . . * * * *

CELF55F8 443" VEEGYFAELTHINKIHEESEKEKLQTLVFSATLTFKAQDVAEKKKAKELSSQOKIQ

HP02644 537' LLMQKIGMR-GKPKVIDLTRNEATVETLTETKIH CET-DEKDFYLYYFLMQYFGRSLVFA

. * . . . * * * *

CELF55F8 503" RLKLTGLRENKHKVIDLTRQMGTAGCLVEARINCGNLLKEDTSLVYLLTRYPGRTIVFV

11

```

HP03233 1' MAAPGSCALWSYCGRGWSRAMGCQLLGLRSSWPGDLLSARLLSQEKRAAEHTHFGFETVBS
SPUBM 1" MSRLRAPVAKEFLADGLKIRSTALAGSRLSN-CRYTSTSSKOTDTSSHMTTHFGFKDVP
HP03233 61' EEEKGGKVYQVFESVAKKYDVMDMWMSLGITHRVVKDLLWKMHPLPGT---QLLDVAGGT
SPUBM 58" EDEKEHLAVKNVFSVAKKYDEMNDAMSLSGIHRLWKNI FVSRLNPNGNSTVPMKILDVAGGT
HP03233 118' GDIAFRFLNTVQSQHQRKQKRQLRAQQNL SWEETAKEYQNEEDSLGGSRVVVC DINKEML
SPUBM 118" GDIAFRILNHATNHNGDRNTRVIV-----ADINPDMIL
HP03233 178' KVG-KQKALAQCQYRAG-LAWVLGDAEEL-PFD DDKFDIYTIAFGIRNVTHIDQALQEHR
SPUBM 150" SVGLRRSKKTPTYDSGRVEFIEQNAEILD KIPDNSIDMYTIAFGIRNC THIPKVLEQAYR
HP03233 235' VLKP GGRFLCLEFSQVN NPLISRL YDLYSFQVIPVLGEVIAGDWKSYQYL VESI RFP SQ
SPUBM 210" VLKPGGVFSCLEFSKVYPAPIAEL YRQYSFKIL PL LGTI IAGDSQSYELVESIERFFPA
HP03233 295' EEFKDMI EDAGF---HKVTYESLTSGIVAHS GFKL
SPUBM 270" KTFARMIEDAGFTLAGETGYETLSFGIAAI HTGIKL

```


14 图

```

HP10543 1' MAATEPILAAATGSPAAVPPPEKLEAGAGSSSAPERNVCVSSSLPEASPPAPEPSSPNAAVPEA
LEAP1 1" ..**.*...*
MAAPQSPQDPQSPAAPPEQEGAGDCA

HP10543 61' IPTPRAAASAALEPLGPAPVSVAPQAEAEARSTPGPAGSRLGPETFRRQFRQFRYQDAA
LEAP1 28" **...*.***.***.* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.*
PGASRRPGPETFRQFRQFRQFRYQDAA

HP10543 121' GPPEAFRQRLRELSQWLRPDIRTKEQIVEMLVQEQLLAILPEAARARRIRRRRTDVRTG
LEAP1 84" GPPEAFRQRLRELSQWLRPDIRTKEQIVEMLVQEQLLAILPEAARARRIRRRRTDVRTG

```

[X] 15

HP03090 1' MAARRALHFVFKVGNRFQTARFYRDVLMKVLRRHEEFEEGCKAACNGPYDGGKWSKTMVGF
CEHYPO 1" MTARALHYVFKVANRAKTIDFFTNVLMKVLRRHEEFEEGCKAACNGPYDGGKWSKTMVGF
HP03090 61' GPEDDHFVAELTYNYGVGDYKLGNDFMGITLASSQAVSNARKLEWPLTEVAEGVFETEAP
CEHYPO 60" GSEDEHFVLEITYNYPIHKYELGNDYRAIVDSQDLFEKVEKIN--HRKSGCGRLAVKDP
HP03090 121' GGYKFYLQNRSLPQSDPVLKVTTLAVSDLQKSLNYWCNLLGMKIYEKDEEKQALLGYADN
CEHYPO 118" DGHEF--KIGKADQSPKVLRVQNVNVDLEKSKKYWNETLGMPIVEEKSSRIR--MSYGDG
HP03090 181' QCKLELQGVKGGVDHAAAFGRIFAFSCPKELPDLEDLMKRENQKILLPLVSLDTPGKATV
CEHYPO 174" QCELEIVKSQDKIDRKTFGRIFAFSYPEDKLESQDKIKSANGTIINELTTLETTPGKADV
HP03090 241' QVVILADPDGHEICFVGDEAFRELSKMDPEGSKLLDDAMAADKSDDEWFAXHKNPKASG
CEHYPO 234" QVVILADPDGHEICFVGDEGFRALSKIDDKAESSELKEQIKKDDSEKWI

17

HP03185 1' MSGRSGKKMSKLSRSARAGVIFPVGRMLRMYLKKGTFFKYRISVGAPVYMAAVIEYLAAEI
MH2A1.2 1" MSSRGKKKSTKTSRSAGVIFPVGRMLRYIKKGHPKYRIGVGAPVYMAAVLEYLTAEI
HP03185 61' LELAGNAARDNKKARIAPRHILLAVANDEELNQLKGVTIASGGVLPRIHPPELLAKKRG
MH2A1.2 61" LELAGNAARDNKKGRVTPRHILLAVANDEELNQLKGVTIASGGVLPNIHPPELLAKKRG
HP03185 121' KGKSETILSPPEKRGKATSGKKGGKSKAAKPRTSKSKPKDSKDEGTSTSEGGPG
MH2A1.2 121" KGKLEAIITPPPAKKAQSPSQKPPVSKKAGGKKGARKSKKQGEVSKAASADSTTEGTPA
HP03185 181' DGFTILSSKSLVLGQKLSLTQSDISHIGSMRVEGIVHPTTAEIDLKEDIGKALEKAGGKE
MH2A1.2 181" DGFTVLSTKSLFLGQKLNLIHSEISNLAGFEVEAIINPTNADIDPKDDLGNTLEKKGGKE
HP03185 241' FLETVKELRKSQGPLEVAAVSSQSSGLAKFVIHCHIPQWGSDDKCEEQLEETIKNCLSA
MH2A1.2 241" FVEAVLELRKNGPLEVAGAAVSAGHGLPAKFVHCNSPVWGADKCEELLEKTIVKNCAL
HP03185 301' AEDKKLKSVAFPFPFSGRNCFPKQTAAQVTLKAISAHFDDSSASSLKNVYFLILFDESIG
MH2A1.2 301" ADDKKLKSIAFPFSGRNGFPKQTAAQLILKAISYFVSTMTSSSIKTVYFVLFDESIG
HP03185 361' IYVQEMAKLDAK
MH2A1.2 361" IYVQEMAKLDAN

18

HP03324 1' MALCALTRALRSNLAPPTVAAPAPSLFPAAQMMNNGLLQQPSALMLLPCRPLTVALN

BRPL2 1" MGLKRFPKPVTPGRRFMVI

HP03324 61' ANFVSWKSRTKTYITPVKMRKSGGRDHTGRIRVHIGGGHKQRYRMIDFLRFRPEETKSG
...***. * ** * . ****. ****. ****. * . **

BRPL2 19" SDFS DITKTEPEKSLAPLKKTGGRNHHGRVTVRHRGGGHHKRYRIIDFKRY-----DKAG

HP03324 121' PFEEKVIQVRYDPCRSADIALVA-GGSRKRWIIATENMQAGDTILNSNHIGRMVAAREG
. *** *** ****. ****. ****. . . . *

BRPL2 75" -IPAKVLAIEYDPNRSARIALLLYADGEKRYILAPKGVNVUGDTLMGPD---AEIRP---G

HP03324 180' DAHPLGALPVGTLINNVESEPGRGAQYIRAAGAGNVRNSRPSIQR

BRPL2 129" NALPLEKIPVGTLVHNVEFTPGKGGQIARAAGTYCQIMAKEGNYALLRMPSGELRKVHIK
. * ** . *****. *** . ** . * . ****.

19

HP10648 181' LTPRAPGSPRGQHEPSKPPPAGEVTVTGGFGAKKRGSSSQAPASKKLNKEELPVIPKGP
CEY40B1B 1" MSTGANLLVMNDTC
HP10648 241' KSGRVWKDRSKKRFSQLQDKPLRTSWQKMKERQERKLAKDFARHLEEEKERRRQEKQ
CEY40B1B 15" KSNRWKTKQEKKHSEIKKVKTKSTWDKKMELKAKDMVKRVQDNIREKQVQERQEKKE
HP10648 301' RRAENLKRRLENERKAEVVQVIRNPAKLKRAKKQLRSIEKRDYTLALLQKQPPQPAKI
CEY40B1B 75" RKVEQEKRRLENERKAEIVQKITKIHKLKTKKQRLRSIQMRDVTQVTK

22

HP10532	1'	MAGSEELGLREDTLRVLAALRRGEAAGSPVTPPRSPAQEEPTDFLSRLRRCCLPCSLGR
HSBK	1"	MAGSEELGLREDTLRVLAALRRGEAAGSPVTPP-SPAQEEPTDFLSRLRRCCLPCSLGR
HP10532	61'	GAAPSESPRPCSLPIRPCYGLEPGPATPDFYALVAQRLEQLVQEQLKSPSPPELQGGPPST
HSBK	60"	GAAPSESPRPCSLPIRPCYGLEPGPATPDFYALVAQRLEQLVQEQLKSPSPPELQGGPPST
HP10532	121'	EKEAILRRLVALLLEEEAEVINQK-----EGILAV
HSBK	120"	EKEAILRRLVALLLEEEAEVINQK-----EGILAV
HP10532	181'	-----EGILAV
HSBK	180"	ACPGPPPPSPEPLARLALAMELSRRVAGLGGTLAGLSVEHVHSFTPWQAHGWEGLAV
HP10532	241'	SPVDLNLPLD
HSBK	240"	SPVDLNLPLD

23

HP10559 1' MPVKKRKS PGVAAA VAE DGLKKCKISSYCRSQPPARLISGE
KIAA 61" QTGSLRSCSSDCFNKVMPPRRR-----PASGDDL SAKKSRHDSMYRKYDSTRIKTEE
HP10559 44' EHFSSKKCLAWFYEYAGPDEVVGPEGMEKFCEDIGVEPENIIMLVLA WKLEAESMGFFTK
KIAA 116" EAFSSKRCLWFYEYAGTDDVVGPEGMEKFCEDIGVEPENVMVLVLA WKLD AQNMGYFTL
HP10559 104' EEWLKGMTSLQDCCTEKLQNKFDLRSQ LNDISSFKNIYRYAFDFARDKDQ RSLDIDTAK
KIAA 176" QEWLKGMTSLQCDTTEKLRNTLDYLR SFINDSTNFKLIYRYAFDFAREKDQ RSLDINTAK
HP10559 164' SMLALLGRTWPLFSVFYQYLEQSKYRVMNKDQWYNVLEFSRTVHADLSNYDE DGAWPVL
KIAA 236" CMLG LLLGKIWPLFPVFHQFLEQSKYKVINKDQWCNVLEFSRTINL DLSNYDE DGAWPVL
HP10559 224' LDEFVWQKVRQTS
KIAA 296" LDEFVWYKDKQMS

24

HP10562 61' QESEPEDFLKFIDPNEVCSEASPGSDSGISEDCHPDSPAPRATSPMLYEVVYEAG
LZIP 1" MELELDAGDQDQLLAFLLLEESGDLGTAPDEAVRAPLDWALPLSEVPDWEVDDL
HP10562 121' ALERMQGETGPNVGLISIQLDQWSPAFWVPDSCMVSELPFDAHAHILPRAGTVAPVPCIT
LZIP 54" LCSLLSPPASLNILSSSNPCLVHHDHTYSLPRETVSMDLESESCRKEGTQMTPOHMEELA
HP10562 181' LLPCTFLTDEEKRLLGQEGVSLPSHLPLTKAERVVKVRKIRNKQSAQDSRRRKKKE
LZIP 114" EQEIA RLVLTD EKSLEKEGLILPETLPLTKTEEQILKRVVRKIRNKRS AQESRRKKKV
HP10562 241' YIDGLESRVAACSAQNEQLQKKVQELERHNISLVAQLRQLQTLIAQTSNKAAQTSTCVLI
LZIP 174" YVGGLSRVLKYTAQNMELOQVLLLEEQLSLDQLRKLQAMVIEISNKTSSSSSTCILV
HP10562 301' LIFSLALIILPSFPFQSR----PEAGSEDYQPHGVTSRN--ILTHKDVVTENLETQVVES
LZIP 234" LLVSFCLLLVPAMYSSDTRGSLPAEHGVL SRQLRALPSEDPYQLELPALQSEVPKDS THQ
HP10562 355' RLREPPGAKDANGSTRTLEKMGKPRPSGRIRSVLHADEM
LZIP 294" WLDGSDCVLQAPGNTSCLLHYMPQAPSAEPPEWFPDLFSEPLCRGPILPLQANLTRKG

25/35

25

HP10456 1' MSNMEKHLFNLKFAAKELSRSAKCKDEEKAEEKAKIKKAIQKGNMEVARIHAEN
CEBC-2 1" MGAGESSMALEKHLFDLKFPAKQLEKNAQRCCEKDEKVEKDKLTAAIKKGNKEVAQVHAEN
HP10456 55' AIRQKNQAVNFLRMSARVDAVAARVQTAVTMGKVTKSMAGVVKSMDATLKTNNLEKISAL
CEBC-2 61" AIRKKNQAVNYIKMAARIDAVAAARVQTAATQKRVTASMSGVVKAMESAMKSMNLEKVVQQL
HP10456 115' MDKFEHQFETLDVQTTQMEDTMSSTFTLTTPQNQVDMLLQEMADEAGLDLNMELPQGQTG
CEBC-2 121" MDRFERDFEDLDVTTKTKMEKTMGGTTVLNAPKSQVDALIAEAAADKAGIELNQELPSNVPT
HP10456 175' SVGTSV-ASAEQDELSQRLARLDQV
CEBC-2 181" ALPTGTQAVSEDKOLTERLAALRNM

28

HP10515 1' MFLTAL-LWRGRIPGRQWIGKRRRPRFVSLRAKQNMIRRLLEIEAENHYWLSMPYMTREQE
 * * * * * . * * * * * . * * * * * . * * * * * . * * * * * .
 DM63B 1" MHLTLINLFKKTVPGHIFRGKRRLVKPVSQRAMDTLTREYERQEQVMILLRHPYLTMEQS
 HP10515 60' RGHA-AVRRREAFA--IKAAATSKFPFHRFIADQLDHLNVTKKWS
 * * * * * . * * * * * . * * * * * . * * * * * . * * * * * .
 DM63B 61" FGHAKELQKREKLVARWTDEQTLRKMKPHVTIEERLNQLKKEAWD

31

HP10101 1' MKAVSEREGSRRHRDGDVVLPAVVVKQERLSPEVAPPAHRRPDHSGSPSPPTSEP
HP10101 60' ARSGHRGNRARGVSRPPKKKNKASGRRSKSPRSKRNRSPHSTVKVKQEREDHPRRGRE
CEC32E8 1' MGRDSPDRRRHRDRSPERRRRSRSRDRQTRRD-T
HP10101 121' DRQHREFSEQEHRARNSDRDRHRGSHQRTSNERPGSGQGQGRDRDTQNLQAQEEERE
CEC32E8 36" RRDDSPKIKREVKEEQFSDNDSPPRRRDDRGRRDRDRNRDDR-RDHRDDRGDRDRRD
HP10101 181' FYNARRREHRQNDVGGGSESELVPRPGNNKEKEVPAKEKPSFELSGALLEDNTNFR
CEC32E8 95" NF--RRPDPVREDGKQYGLEKKEENWGKPEEPAKEK-----EKNLGTSGALTEDNTNFR
HP10101 241' GVVIKYSEPPPEARIPKKRWRLYPFKNDEVLPVMIHQSAVLLGRHRRRIADIPIDHPSCS
CEC32E8 148" GVVIKYNEPPEAKPNARWRLYPFKGEESLQVLYIHQSAVLLIGRDHKIADIPVDHPSCS
HP10101 301' KQHAVFQYRLVEYTRADGTVGRRVKPYIIDLGSGNGTFFLNKKRIEQQRYIELKEKDVLKF
CEC32E8 208" KQHAVLQFRSMPTTRDDGTKARRIMPYIIDLGSGNGTFFLNKKRIEQQRYIELKEKDMLKF
HP10101 361' GFSSREYVLLHESDTSIDRKDDDEEEEEEVSDS
CEC32E8 268" GFSTREYVVMKEREITEEELAEGEDVKKEESD

32

32/35

HP10370 1' MEYDEKLARFRQAHLPFNKQSGPRQHEQGPGEEVFDVTPEALPELPPGEPEF
DMCG115 1" MBSWKDSLTSIPGTVAQLINESASNLHASSTLGSTVGLGSGSTGSGEAGGSEESGPQ
HP10370 55' RCPERVMDLGLSEDFSRPVGLFLASDVQQLRQAIIECKQVILELPEQSEKQKDAVVRLLI
DMCG115 61" GAETRALPIPASLVREQWRLIFTSANIQLQAAIAHCRDLVLLSEELSEERRWLVRHLV
HP10370 115' HLRKLQELKDPNE-----DEPNIRVLEHRE-----YKEKSKSVKQTCDDK
DMCG115 121" DLRYSLQELEEAQEQHSLSSDMVMVNAIRAVVGHFVPHPHHGKRNRLQAAAKRNYCDH
HP10370 156' CNTIIINGLIQTWYTCGYRCHSKCLNLISKPCVSSKVSQAEYELNICPETGLDSQDY
DMCG115 181" CTTIIWSVVQNSYVCSDCGFLVHQKCIDGVKRVCAHVLVSEHQHPISEICPEIGLASQGY
HP10370 216' RCAECRAPISLRGVPSEARQCXYTQYCYCHWNDLAVIPARVVHWNDFEPRKVSRCSM
DMCG115 241" KCAECGTMLNKNWTWIEPRLCDYSGLYCPCRCNWNDSNFIPIRIHNWDFSPRRVBTAL
HP10370 276' RYALMVSRPVLRLREINPLFSYVEELVEIRKLQDILMKPYFITCREAMEARLL-LQ
DMCG115 301" QEIRLFLNKPLIRLEEDNPKLFVVEKLCVKKLRQNLVHMRHYLAACKIASLKLVDQQ
HP10370 335' LQDRQHEFVENDEMYSVQDLDVHAGRLGCSLTEIHTLFAHIKLDCECQAKGFVCELCH
DMCG115 361" LGVRRHLAQSENFYSLSDLSQVESGALSEFLQGVFKAFNDHIR-SCPMCLAQAYICEIS
HP10370 395' EGDVLFPPDSHTSVCADCSAVFHRDCYDNSTTCPKCARLSLRKQSLFQEPGPDVEA
DMCG115 420" NNEVIFPFDGCIKCDQCNISIFHRVCLTRKNMICPKCIRIQERRQLDRMKSTEDDDDDDD

34/35

34

HP10516 1' MAGTGLLALRTLPGPSWVRGSPSVLSRLQDAAVVRPGFLSTAEETLSRELEPELRRRR
DMCG141 1"* * * * *
MRIITDFISEPEEQQLHEEIEFPYMSRLR

HP10516 61' YEYDHWDAIHHGFRETEKSRWSEASRAILQRVQAAAFGPGQTLSSVHVLDLEARGYIKP
DMCG141 29" YEFDHWDDAIHHGFRETERKKWFPKNREILERVQVAF--DGAVMPYVHILD LAPDGVIKP
.....* * * * *

HP10516 121' HVDSIKFCGATLGLSLLSPVMRLVHT-----QEPG
DMCG141 87" HVDSTRYCGNTISGISLLSDSVMRLVRTDEQRYQQSSGTATDPNSQGSSEPDAAVYRHQPE
.....* * * * *) ...

HP10516 153' EWL-----ELLLEPGSLYILRGSARYDFSHEILRDEESFFGERRIPRGRRISVICRSLP
DMCG141 147" ASLKNNFYADILLPRRSLYIMSHYARYKFTHEILAKEHSQFQGALVPRTRRISIIICRNEP
.....* * * * *

35

```

HP10580 1' MKKFFQEFFKADIKFK
DMCG546 61" TLLKVLIVLLGTCVLAGYSWSIYGVKVI TEKFVRPSTLKEIEELKLSKAEAAFKLNLTGSG
HP10580 16' SAGPGQKLKESVGEKAHKEKPNQ--PAPRPPRQGPQTNEAQMAAAALAPLEQKQSRWGP
DMCG546 121" GMGTGHKLNPKQETPSSSRQKYEAYVPPKRNEISNEARAAASAAALARIDKKT SREFN-
HP10580 74' TSQDTIRNQVRKELQAEATVSGSP-EAPGTNVVSEPREGSA-HLAVPGVYFTCPL-TGA
DMCG546 180" TSLSAVKAQAKRELEAERRQREEAMGTPSTTSTSTASGGDTRNLACEGVFFRCPLISEE
HP10580 131' TLRKQORDACIKEAILLHFSTDPVAASIMKIYTFNKQDQDRVKLGVDTI AKYLDNIHLHPE
DMCG546 240" ILPKSVWKVRIKEFLYQQLEADRGLTACLIHNCN-VKEKADECIATLIRYLENLIKNP
HP10580 191' EEKYRKIKLQNKVFQERINCLGTHEFFFAIGFQKVLLPAQDQEDPEEFYVLSETTLAQ
DMCG546 299" EEKFCCKIRMSNKFSEKVRVVEGALDVLQAAGFNEV-----QIDGEPFLWTKEQTEKD

```

35 / 1 / 35

35-1

HP10580 251' QSLERHKEQLLAEPVRAKLDQRORVFQPSPLASQFELPGDFFNLTAEEIKREQRLRSEA
 * * * * *
 DMC546 353" LDLPTLVEALKSSEIIPLELDRNIKVLLPSQ-ACRVALPDEFYRLSPEEIKKEQQQLRSEA
 * * * * *
 HP10580 311' VERLSVLRTKAMREKEEQGLRKYNITLLRVRLPDGCLLQGTFFYARERLGA VYGFVREAL
 * * * * *
 DMC546 412" IAQSQMLRTKAMREREERQNLRMRYALVRVKFPNGLFIQGTFFNVYEKISDVFEFVQSCL
 * * * * *
 HP10580 371' QSDWLPFELLASGGQKLSEDE-NLALNECGLVPSALLTFSWDMAVLEDIKAAGAEPPDSIL
 * * * * *
 DMC546 472" ADESDFSLVSNSDGKLGDEDELEKTLYDCKLIPNTLLLF SANDTPAPLQTDINYLKEDLL
 * * * * *
 HP10580 430' KPELLSAIEKLL
 DMC546 532" MLVQAM

SEQUENCE LISTING

<110> Japan Science and Technology Corporation

5 <120> Human Proteins and cDNAs thereof

<130>

<140>

10 <141>

<150> JP 11-346863

<151> 1999-12-06

15 <150> JP 11-34684

<151> 1999-12-06

<150> JP 2000-31062

<151> 2000-02-08

20

<150> JP 2000-34091

<151> 2000-02-10

<150> JP 2000-34090

25 <151> 2000-02-10

<150> JP 2000-35829

<151> 2000-02-14

<150> JP 2000-35899

<151> 2000-02-14

5 <150> JP 2000-71161

<151> 2000-03-14

<150> JP 2000-160851

<151> 2000-05-30

10

<160> 160

<170> PatentIn Ver. 2.1

15 <210> 1

<211> 1323

<212> DNA

<213> Homo sapiens

20 <220>

<221> CDS

<222> (27).. (881)

<400> 1

25 ctctgcccggt cttctgggaa gggaga atg gcg gcg ccc ggg ctg cgg ctg gga 53

Met Ala Ala Pro Gly Leu Arg Leu Gly

1

5

gcg gga aga ctc ttt gaa atg cct gcg gtg cta gag cga ctg agc cgc 101
 Ala Gly Arg Leu Phe Glu Met Pro Ala Val Leu Glu Arg Leu Ser Arg
 10 15 20 25

5 tat aat agc acg tcc caa gct ttt gct gag gtg ctg cgg ctg ccg aag 149
 Tyr Asn Ser Thr Ser Gln Ala Phe Ala Glu Val Leu Arg Leu Pro Lys
 30 35 40

10 cag cag ctg agg aag ctg ctg tac ccg ctg cag gaa gta gag cgg ttc 197
 Gln Gln Leu Arg Lys Leu Leu Tyr Pro Leu Gln Glu Val Glu Arg Phe
 45 50 55

15 ctc gcc ccc tac ggg agg caa gac ctt cac ctg cgt atc ttt gac cca 245
 Leu Ala Pro Tyr Gly Arg Gln Asp Leu His Leu Arg Ile Phe Asp Pro
 60 65 70

20 agc ccg gag gac ata gcc agg gcg gac aac atc ttc acg gcc act gaa 293
 Ser Pro Glu Asp Ile Ala Arg Ala Asp Asn Ile Phe Thr Ala Thr Glu
 75 80 85

cgg aac cgc atc gac tac gtc agc tcc gcc gtc cgt atc gac cac gcc 341
 Arg Asn Arg Ile Asp Tyr Val Ser Ser Ala Val Arg Ile Asp His Ala
 90 95 100 105

25 ccg gac ctt ccg cgg cca gag gtg tgt ttt ata ggc aga agc aat gtt 389
 Pro Asp Leu Pro Arg Pro Glu Val Cys Phe Ile Gly Arg Ser Asn Val
 110 115 120

gga aaa tca tct cta atc aag gct tta ttt tca ctg gcc cct gag gtt 437
 Gly Lys Ser Ser Leu Ile Lys Ala Leu Phe Ser Leu Ala Pro Glu Val
 125 130 135

5 gaa gtc aga gtc tcc aaa aaa cca gga cac aca aag aaa atg aat ttt 485
 Glu Val Arg Val Ser Lys Lys Pro Gly His Thr Lys Lys Met Asn Phe
 140 145 150

ttc aaa gtt gga aaa cat ttt aca gtg gtg gac atg cca ggt tat ggc 533
 10 Phe Lys Val Gly Lys His Phe Thr Val Val Asp Met Pro Gly Tyr Gly
 155 160 165

ttt aga gca cct gaa gat ttt gtt gac atg gta gag acc tat cta aaa 581
 Phe Arg Ala Pro Glu Asp Phe Val Asp Met Val Glu Thr Tyr Leu Lys
 15 170 175 180 185

gaa cga agg aac ttg aag aga aca ttt tta tta gtg gat agc gtt gtt 629
 Glu Arg Arg Asn Leu Lys Arg Thr Phe Leu Leu Val Asp Ser Val Val
 190 195 200

20 gga att caa aaa aca gac aat att gcc ata gaa atg tgt gaa gaa ttt 677
 Gly Ile Gln Lys Thr Asp Asn Ile Ala Ile Glu Met Cys Glu Glu Phe
 205 210 215

25 gca tta cct tat gtg att gta tta aca aaa att gac aaa tct tcc aag 725
 Ala Leu Pro Tyr Val Ile Val Leu Thr Lys Ile Asp Lys Ser Ser Lys
 220 225 230

gga cat ctt tta aaa caa gtg ctt cag atc cag aaa ttt gtt aac atg 773

Gly His Leu Leu Lys Gln Val Leu Gln Ile Gln Lys Phe Val Asn Met

235

240

245

5 aaa act caa gga tgt ttt cct cag ttg ttt cct gta agt gct gtg acc 821

Lys Thr Gln Gly Cys Phe Pro Gln Leu Phe Pro Val Ser Ala Val Thr

250

255

260

265

ttt tct gga atc cac ctg ttg aga tgc ttt ata gcc agt gta aca gga 869

10 Phe Ser Gly Ile His Leu Leu Arg Cys Phe Ile Ala Ser Val Thr Gly

270

275

280

agt ctt gac taa tggttcccg tttagctgaa gattcaaaag ctttatgcta 921

Ser Leu Asp

15

285

actggagtta aatacctaga agaatttcaa cattgttitta aatgttgtgc atctgtaact 981

tcaggaggat cacttgagct ttaaaacctg tgccttctcg aaacaagaat ttgtgcctga 1041

20

ggtgaaaaaa gtttgaagt tattgaatta tgggtgttcat tagaacagct actagctgat 1101

tccctatatt taacaaactg acaagagcac atccataaaa tgaaaacctg ttacaactat 1161

25 gtacagaagg gtttgacgtt ttattgggct tttgtctttt aaagaatatg tctactatgg 1221

gtattttttt tttaaatgtt aaaatgggct aggtaaaagg gggctgcttt tctgttaagc 1281

6/360

atcgataggt aagttgatgg ataaaagtta ctatgtaago ct

1323

<210> 2

5 <211> 284

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

10 Met Ala Ala Pro Gly Leu Arg Leu Gly Ala Gly Arg Leu Phe Glu Met

1 5 10 15

Pro Ala Val Leu Glu Arg Leu Ser Arg Tyr Asn Ser Thr Ser Gln Ala

20 25 30

15

Phe Ala Glu Val Leu Arg Leu Pro Lys Gln Gln Leu Arg Lys Leu Leu

35 40 45

Tyr Pro Leu Gln Glu Val Glu Arg Phe Leu Ala Pro Tyr Gly Arg Gln

20 50 55 60

Asp Leu His Leu Arg Ile Phe Asp Pro Ser Pro Glu Asp Ile Ala Arg

65 70 75 80

25 Ala Asp Asn Ile Phe Thr Ala Thr Glu Arg Asn Arg Ile Asp Tyr Val

85 90 95

Ser Ser Ala Val Arg Ile Asp His Ala Pro Asp Leu Pro Arg Pro Glu

7/360

100

105

110

Val Cys Phe Ile Gly Arg Ser Asn Val Gly Lys Ser Ser Leu Ile Lys

115

120

125

5

Ala Leu Phe Ser Leu Ala Pro Glu Val Glu Val Arg Val Ser Lys Lys

130

135

140

Pro Gly His Thr Lys Lys Met Asn Phe Phe Lys Val Gly Lys His Phe

10 145

150

155

160

Thr Val Val Asp Met Pro Gly Tyr Gly Phe Arg Ala Pro Glu Asp Phe

165

170

175

15 Val Asp Met Val Glu Thr Tyr Leu Lys Glu Arg Arg Asn Leu Lys Arg

180

185

190

Thr Phe Leu Leu Val Asp Ser Val Val Gly Ile Gln Lys Thr Asp Asn

195

200

205

20

Ile Ala Ile Glu Met Cys Glu Glu Phe Ala Leu Pro Tyr Val Ile Val

210

215

220

Leu Thr Lys Ile Asp Lys Ser Ser Lys Gly His Leu Leu Lys Gln Val

25 225

230

235

240

Leu Gln Ile Gln Lys Phe Val Asn Met Lys Thr Gln Gly Cys Phe Pro

245

250

255

Gln Leu Phe Pro Val Ser Ala Val Thr Phe Ser Gly Ile His Leu Leu

260

265

270

5 Arg Cys Phe Ile Ala Ser Val Thr Gly Ser Leu Asp

275

280

<210> 3

10 <211> 1120

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

15 <221> CDS

<222> (18).. (719)

<400> 3

attctgtgcc tgtgaac atg gcg gcg ccc gtt gtc acg gcc ccg ggc aga 50

20

Met Ala Ala Pro Val Val Thr Ala Pro Gly Arg

1

5

10

gct ctg ctg cgg gcg ggc gct gga cgg ctg ctt cgg gga ggc gtc cag 98

Ala Leu Leu Arg Ala Gly Ala Gly Arg Leu Leu Arg Gly Gly Val Gln

25

15

20

25

gag cta ctg cgg ccg cga cat gaa ggg aac gcc cct gac ctg gcc tgc 146

Glu Leu Leu Arg Pro Arg His Glu Gly Asn Ala Pro Asp Leu Ala Cys

9/360

	30	35	40	
	aac ttc agc ctt tct caa aat cgg ggc acg gtc atc gtg gag cgc tgg			194
	Asn Phe Ser Leu Ser Gln Asn Arg Gly Thr Val Ile Val Glu Arg Trp			
5	45	50	55	
	tgg aag gta ccg ctg gcc ggg ggg ggc cgg aag ccg cgc ctg cac cgg			242
	Trp Lys Val Pro Leu Ala Gly Gly Gly Arg Lys Pro Arg Leu His Arg			
	60	65	70	75
10				
	cga cat cgc gtc tat aag ctg gtg gag gac acg aag cat cgg ccc aaa			290
	Arg His Arg Val Tyr Lys Leu Val Glu Asp Thr Lys His Arg Pro Lys			
	80	85	90	
15	gaa aac ctg gag ctc atc ctg acg cag tcg gtg gag aat gtt gga gtc			338
	Glu Asn Leu Glu Leu Ile Leu Thr Gln Ser Val Glu Asn Val Gly Val			
	95	100	105	
	cgg ggt gac ctg gtc tca gtg aag aaa tct tta ggc cgg aat cga ctc			386
20	Arg Gly Asp Leu Val Ser Val Lys Lys Ser Leu Gly Arg Asn Arg Leu			
	110	115	120	
	ctt cct cag gga ctg gct gta tat gca tcc cct gaa aac aag aag ctg			434
	Leu Pro Gln Gly Leu Ala Val Tyr Ala Ser Pro Glu Asn Lys Lys Leu			
25	125	130	135	
	ttt gaa gag gag aaa ttg ctg aga caa gaa gga aaa tta gag aag atc			482
	Phe Glu Glu Glu Lys Leu Leu Arg Gln Glu Gly Lys Leu Glu Lys Ile			

10/360

140 145 150 155

cag acc aag gca ggt gag gcg ctt ggt gtt gtg gtt gcc cca cat aca 530
Gln Thr Lys Ala Gly Glu Ala Leu Gly Val Val Val Ala Pro His Thr

5 160 165 170

tta aag tta cca gca gag cct atc aca cgg tgg ggc gag tat tgg tgt 578
Leu Lys Leu Pro Ala Glu Pro Ile Thr Arg Trp Gly Glu Tyr Trp Cys

175 180 185

10

gag gtg acg gta aat ggg ctt gat act gtg aga gtg cct atg tct gtc 626
Glu Val Thr Val Asn Gly Leu Asp Thr Val Arg Val Pro Met Ser Val

190 195 200

15

gtg aac ttt gag aag ccc aag acc aaa aga tat aag tac tgg tta gcc 674
Val Asn Phe Glu Lys Pro Lys Thr Lys Arg Tyr Lys Tyr Trp Leu Ala

205 210 215

cag caa gct gcc aag gct atg gcc ccc acc agc ccc cag atc taa 719

20

Gln Gln Ala Ala Lys Ala Met Ala Pro Thr Ser Pro Gln Ile

220 225 230

atctactctc cctccaaggc agcaaagcag aatcgaggagc agtggagcag aaatgtgcaa 779

25

gcaccctgat ctcaactcca gctctgacca aatacagaat tttagagaac atctgaagac 839

atcagactgc actgcgtata catgttgaat tcttcatttt tgccatcttt aactgtcatc 899

11/360

actggggcag ggaagtcctg ttccagaagt accaggctgt agatttgata agctagatgc 959

agtagaccga aaccatccaa aacctgttta gcttcttcct ccattggagt ttattgggac 1019

5 aaacaggaga gccagccatt gtctccagta cttgcctcat tctcatcatc caaactgaac 1079

atttgtatcc caagcagaaa taaagagaat atgttctttt t 1120

10 <210> 4

<211> 233

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15 <400> 4

Met Ala Ala Pro Val Val Thr Ala Pro Gly Arg Ala Leu Leu Arg Ala

1

5

10

15

Gly Ala Gly Arg Leu Leu Arg Gly Gly Val Gln Glu Leu Leu Arg Pro

20

20

25

30

Arg His Glu Gly Asn Ala Pro Asp Leu Ala Cys Asn Phe Ser Leu Ser

35

40

45

25 Gln Asn Arg Gly Thr Val Ile Val Glu Arg Trp Trp Lys Val Pro Leu

50

55

60

Ala Gly Gly Gly Arg Lys Pro Arg Leu His Arg Arg His Arg Val Tyr

12/360

65 70 75 80

Lys Leu Val Glu Asp Thr Lys His Arg Pro Lys Glu Asn Leu Glu Leu

85 90 95

5

Ile Leu Thr Gln Ser Val Glu Asn Val Gly Val Arg Gly Asp Leu Val

100 105 110

Ser Val Lys Lys Ser Leu Gly Arg Asn Arg Leu Leu Pro Gln Gly Leu

10 115 120 125

Ala Val Tyr Ala Ser Pro Glu Asn Lys Lys Leu Phe Glu Glu Glu Lys

130 135 140

15 Leu Leu Arg Gln Glu Gly Lys Leu Glu Lys Ile Gln Thr Lys Ala Gly

145 150 155 160

Glu Ala Leu Gly Val Val Val Ala Pro His Thr Leu Lys Leu Pro Ala

165 170 175

20

Glu Pro Ile Thr Arg Trp Gly Glu Tyr Trp Cys Glu Val Thr Val Asn

180 185 190

Gly Leu Asp Thr Val Arg Val Pro Met Ser Val Val Asn Phe Glu Lys

25 195 200 205

Pro Lys Thr Lys Arg Tyr Lys Tyr Trp Leu Ala Gln Gln Ala Ala Lys

210 215 220

Ala Met Ala Pro Thr Ser Pro Gln Ile

225

230

5

<210> 5

<211> 528

<212> DNA

<213> Homo sapiens

10

<220>

<221> CDS

<222> (90).. (284)

15 <400> 5

aaggaaattg acgaacacgt gaagcgggtcg ggcggaccac tgcagactga gcggtggacc 60

gaattgggac cgctggctta taagcgatc atg ttt ctc cag tat tac ctc aac 113

Met Phe Leu Gln Tyr Tyr Leu Asn

20

1

5

gag cag gga gat cga gtc tat acg ctg aag aaa ttt gac ccg atg gga 161

Glu Gln Gly Asp Arg Val Tyr Thr Leu Lys Lys Phe Asp Pro Met Gly

10

15

20

25

caa cag acc tgc tca gcc cat cct gct cgg ttc tcc cca gat gac aaa 209

Gln Gln Thr Cys Ser Ala His Pro Ala Arg Phe Ser Pro Asp Asp Lys

25

30

35

40

14/360

tac tct cga cac cga atc acc atc aag aaa cgc ttc aag gtg ctc atg 257

Tyr Ser Arg His Arg Ile Thr Ile Lys Lys Arg Phe Lys Val Leu Met

-- - 45

50

55

5

acc cag caa ccg cgc cct gtc ctc tga gggccctta aactgatgtc 304

Thr Gln Gln Pro Arg Pro Val Leu

60

65

10 ttttctgccg tctgttacct ctgcagact ccgtaaccaa actcttcgga ctgtgagccc 364

tgatgccttt ttgccagcca tactctttgg catccagtct ctgtggcga ttgatcatgc 424

ttgtgtgagg caatcatggt ggcatcacc ataaaggga cacatttgac tttttttct 484

15

catattttaaa attactacaa gattattaaa gataaaatga ttg 528

<210> 6

20 <211> 64

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 6

25 Met Phe Leu Gln Tyr Tyr Leu Asn Glu Gln Gly Asp Arg Val Tyr Thr

1

5

10

15

Leu Lys Lys Phe Asp Pro Met Gly Gln Gln Thr Cys Ser Ala His Pr

15/360

20

25

30

Ala Arg Phe Ser Pro Asp Asp Lys Tyr Ser Arg His Arg Ile Thr Ile

35

40

45

5

Lys Lys Arg Phe Lys Val Leu Met Thr Gln Gln Pro Arg Pro Val Leu

50

55

60

10 <210> 7

<211> 1306

<212> DNA

<213> Homo sapiens

15 <220>

<221> CDS

<222> (53).. (841)

<400> 7

20 ccttagtaac ctgggcgata gctgtggatg ttccaagga ttgtcttcag tc atg gcc 58

Met Ala

1

ttg gga tta aag tgc ttc cgc atg gtc cac cct acc ttt cgc aat tat 106

25 Leu Gly Leu Lys Cys Phe Arg Met Val His Pro Thr Phe Arg Asn Tyr

5

10

15

ctt gca gcc tct atc aga ccc gtt tca gaa gtt aca ctg aag aca gtg 154

16/360

Leu Ala Ala Ser Ile Arg Pro Val Ser Glu Val Thr Leu Lys Thr Val

20

25

30

cat gaa aga caa cat ggc cat agg caa tac atg gcc tat tca gct gta 202

5 His Glu Arg Gln His Gly His Arg Gln Tyr Met Ala Tyr Ser Ala Val

35

40

45

50

cca gtc cgc cat ttt gct acc aag aaa gcc aaa gcc aaa ggg aaa gga 250

Pro Val Arg His Phe Ala Thr Lys Lys Ala Lys Ala Lys Gly Lys Gly

10

55

60

65

cag tcc caa acc aga gtg aat att aat gct gcc ttg gtt gag gat ata 298

Gln Ser Gln Thr Arg Val Asn Ile Asn Ala Ala Leu Val Glu Asp Ile

70

75

80

15

atc aac ttg gaa gag gtg aat gaa gaa atg aag tct gtg ata gaa gct 346

Ile Asn Leu Glu Glu Val Asn Glu Glu Met Lys Ser Val Ile Glu Ala

85

90

95

20 ctc aag gat aat ttc aat aag act ctc aat ata agg acc tca cca gga 394

Leu Lys Asp Asn Phe Asn Lys Thr Leu Asn Ile Arg Thr Ser Pro Gly

100

105

110

tcc ctt gac aag att gct gtg gta act gct gac ggg aag ctt gct tta 442

25 Ser Leu Asp Lys Ile Ala Val Val Thr Ala Asp Gly Lys Leu Ala Leu

115

120

125

130

aac cag att agc cag atc tcc atg aag tcg cca cag ctg att ttg gtg 490

17/360

Asn Gln Il Ser Gln Ile Ser Met Lys Ser Pro Gln Leu Ile Leu Val

135

140

145

aat atg gcc agc ttc cca gag tgt aca gct gca gct atc aag gct ata 538

5 Asn Met Ala Ser Phe Pro Glu Cys Thr Ala Ala Ala Ile Lys Ala Ile

150

155

160

aga gaa agt gga atg aat ctg aac cca gaa gtg gaa ggg acg cta att 586

Arg Glu Ser Gly Met Asn Leu Asn Pro Glu Val Glu Gly Thr Leu Ile

10

165

170

175

cgg gta ccc att ccc caa gta acc aga gag cac aga gaa atg ctg gtg 634

Arg Val Pro Ile Pro Gln Val Thr Arg Glu His Arg Glu Met Leu Val

180

185

190

15

aaa ctg gcc aaa cag aac acc aac aag gcc aaa gac tct tta cgg aag 682

Lys Leu Ala Lys Gln Asn Thr Asn Lys Ala Lys Asp Ser Leu Arg Lys

195

200

205

210

20 gtt cgc acc aac tca atg aac aag ctg aag aaa tcc aag gat aca gtc 730

Val Arg Thr Asn Ser Met Asn Lys Leu Lys Lys Ser Lys Asp Thr Val

215

220

225

tca gag gac acc att agg cta ata gag aaa cag atc agc caa atg gcc 778

25 Ser Glu Asp Thr Ile Arg Leu Ile Glu Lys Gln Ile Ser Gln Met Ala

230

235

240

gat gac aca gtg gca gaa ctg gac agg cat ctg gca gtg aag acc aaa 826

18/360

Asp Asp Thr Val Ala Glu Leu Asp Arg His Leu Ala Val Lys Thr Lys

245

250

255

gaa ctc ctt gga tga aagtcactg gggccagcaa tactccagag ccagtttct ...881

5 Glu Leu Leu Gly

260

gctggatccc atgggtggca cattgggact tctctccctc ccccatctac acagaagact 941

10 gtcaccatgc tgacagaagc ctgtccttgt aaggcccagc cttccagggg aacactcaga 1001

catgttcatt ctcttcctgc ttctgctctg ggccgggtggg tggctctcag aaaatacttg 1061

ctgctggcaa aaggcctgta ctcaggcatt tgctttgact tgatgttgcc aagggactga 1121

15

ggccattggc aggccttagta ccacctgctc ctcatcttag gagtctcctt ttcaaataat 1181

taggctctgt tccatttta aaactctgat attggccttc acctgtgact ggacacttta 1241

20 ctagaggccc attttcacta aacaataaaa tctaaataaa ttggaaggaa taacaaccac 1301

aaagg

1306

25 <210> 8

<211> 262

<212> PRT

<213> Homo sapiens

19/360

<400> 8

Met Ala Leu Gly Leu Lys Cys Phe Arg Met Val His Pro Thr Phe Arg

1 5 10 15

5

Asn Tyr Leu Ala Ala Ser Ile Arg Pro Val Ser Glu Val Thr Leu Lys

20 25 30

Thr Val His Glu Arg Gln His Gly His Arg Gln Tyr Met Ala Tyr Ser

10 35 40 45

Ala Val Pro Val Arg His Phe Ala Thr Lys Lys Ala Lys Ala Lys Gly

50 55 60

15 Lys Gly Gln Ser Gln Thr Arg Val Asn Ile Asn Ala Ala Leu Val Glu

65 70 75 80

Asp Ile Ile Asn Leu Glu Glu Val Asn Glu Glu Met Lys Ser Val Ile

85 90 95

20

Glu Ala Leu Lys Asp Asn Phe Asn Lys Thr Leu Asn Ile Arg Thr Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Leu Asp Lys Ile Ala Val Val Thr Ala Asp Gly Lys Leu

25 115 120 125

Ala Leu Asn Gln Ile Ser Gln Ile Ser Met Lys Ser Pro Gln Leu Ile

130 135 140

20/360

Leu Val Asn Met Ala Ser Phe Pro Glu Cys Thr Ala Ala Ala Ile Lys

145 150 155 160

5 Ala Ile Arg Glu Ser Gly Met Asn Leu Asn Pro Glu Val Glu Gly Thr

165 170 175

Leu Ile Arg Val Pro Ile Pro Gln Val Thr Arg Glu His Arg Glu Met

180 185 190

10

Leu Val Lys Leu Ala Lys Gln Asn Thr Asn Lys Ala Lys Asp Ser Leu

195 200 205

Arg Lys Val Arg Thr Asn Ser Met Asn Lys Leu Lys Lys Ser Lys Asp

15 210 215 220

Thr Val Ser Glu Asp Thr Ile Arg Leu Ile Glu Lys Gln Ile Ser Gln

225 230 235 240

20 Met Ala Asp Asp Thr Val Ala Glu Leu Asp Arg His Leu Ala Val Lys

245 250 255

Thr Lys Glu Leu Leu Gly

260

25

<210> 9

<211> 893

21/360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

5 <221> CDS

<222> (96).. (404)

<400> 9

aaaaaaaaattt gaagaccagg aagttgatca atcccgaggc tgctgagaga cggtaggcgcg 60

10

attgggacag tcgccaggga tggctgagcg tgaag atg cag cgg gtg tcc ggg 113

Met Gln Arg Val Ser Gly

1

5

15 ctg ctc tcc tgg acg ctg agc aga gtc ctg tgg ctc tcc ggc ctc tct 161

Leu Leu Ser Trp Thr Leu Ser Arg Val Leu Trp Leu Ser Gly Leu Ser

10

15

20

gag ccg gga gct gcc cgg cag ccc cgg atc atg gaa gag aaa gcg cta 209

20 Glu Pro Gly Ala Ala Arg Gln Pro Arg Ile Met Glu Glu Lys Ala Leu

25

30

35

gag gtt tat gat ttg att aga act atc cgg gac cca gaa aag ccc aat 257

Glu Val Tyr Asp Leu Ile Arg Thr Ile Arg Asp Pro Glu Lys Pro Asn

25

40

45

50

act tta gaa gaa ctg gaa gtg gtc tcg gaa agt tgt gtg gaa gtt cag 305

Thr Leu Glu Glu Leu Glu Val Val Ser Glu Ser Cys Val Glu Val Gln

22/360

55 60 65 70

gag ata aat gaa gaa gaa tat ctg gtt att atc agg ttc acg cca aca 353
Glu Ile Asn Glu Glu Glu Tyr Leu Val Ile Ile Arg Phe Thr Pro Thr

5 75 80 85

gta cct cat tgc tct ttg gcg act ctt att gtt gga aat cta cat ttc 401
Val Pro His Cys Ser Leu Ala Thr Leu Ile Val Gly Asn Leu His Phe

90 95 100

10

tga aggaaccac tcaacagaag aagacatcaa taagcagata aatgacaaag 454

agcgagtggc agctgcaatg gaaaacccca acttacggga aattgtggaa cagtgtgtcc 514

15

ttgaacctga ctgatagctg ttttaagagc cactggcctg taattgtttg atatatttgt 574

ttaaactcctt tgtataatgt cagagactca tgtttaatac ataggtgatt tgtacctcag 634

20

agcatttttt aaaggattct ttccaagcga gatttaatta taaggtagta cctaatttgt 694

tcaatgtata acattctcag gatttgtaac acttaaatga tcagacagaa taatattttc 754

tagttattat gtgtaagatg agttgctatt tttctgatgc tcattctgat acaactattt 814

25

ttcgtgtcaa atatctactg tgcccaaag tactcaattt aaatcattac tctgtaaaat 874

aaataagcag atgattcctt 893

23/360

<210> 10

<211> 102

5 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 10

Met Gln Arg Val Ser Gly Leu Leu Ser Trp Thr Leu Ser Arg Val Leu

10 1 5 10 15

Trp Leu Ser Gly Leu Ser Glu Pro Gly Ala Ala Arg Gln Pro Arg Ile

20 25 30

15 Met Glu Glu Lys Ala Leu Glu Val Tyr Asp Leu Ile Arg Thr Ile Arg

35 40 45

Asp Pro Glu Lys Pro Asn Thr Leu Glu Glu Leu Glu Val Val Ser Glu

50 55 60

20

Ser Cys Val Glu Val Gln Glu Ile Asn Glu Glu Glu Tyr Leu Val Ile

65 70 75 80

Ile Arg Phe Thr Pro Thr Val Pro His Cys Ser Leu Ala Thr Leu Ile

25 85 90 95

Val Gly Asn Leu His Phe

100

<210> 11

<211> 597

5 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

10 <222> (21).. (497)

<400> 11

actttccgcg ggccgcgggg atg gcg gcg cag ggc gta ggg cct ggg ccg ggg 53

Met Ala Ala Gln Gly Val Gly Pro Gly Pro Gly

15

1

5

10

tcg gcg gcg ccc ccg ggg ctg gag gcg gcc cgg cag aag ctg gcg ctg 101

Ser Ala Ala Pro Pro Gly Leu Glu Ala Ala Arg Gln Lys Leu Ala Leu

15

20

25

20

cgg cgg aag aag gtg ctg agc acc gag gag atg gag ctg tac gag ctg 149

Arg Arg Lys Lys Val Leu Ser Thr Glu Glu Met Glu Leu Tyr Glu Leu

30

35

40

25

gcg cag gcg gcg ggc ggc gct atc gac ccc gac gtg ttc aag atc ctg 197

Ala Gln Ala Ala Gly Gly Ala Ile Asp Pro Asp Val Phe Lys Ile Leu

45

50

55

25/360

gtg gac ctg ctg aag ctg aac gtg gcc ccc ctc gcc gtc ttc cag atg 245
 Val Asp Leu Leu Lys Leu Asn Val Ala Pro Leu Ala Val Phe Gln Met
 60 65 70 75

5 ctc aag tcc atg tgt gcc ggg cag agg cta gcg agc gag ccc cag gac 293
 Leu Lys Ser Met Cys Ala Gly Gln Arg Leu Ala Ser Glu Pro Gln Asp
 80 85 90

cct gcg gcc gtg tct ctg ccc acg tcg agc gtg ccc gag acc cga ggg 341
 10 Pro Ala Ala Val Ser Leu Pro Thr Ser Ser Val Pro Glu Thr Arg Gly
 95 100 105

aga aac aaa ggc agc gct gcc ctc ggg gga gca ttg gcc ctg gcg gaa 389
 Arg Asn Lys Gly Ser Ala Ala Leu Gly Gly Ala Leu Ala Leu Ala Glu
 15 110 115 120

cgc agc agc cgc gaa gga tcc agc cag agg atg cca cgc cag ccc agc 437
 Arg Ser Ser Arg Glu Gly Ser Ser Gln Arg Met Pro Arg Gln Pro Ser
 125 130 135

20 gct acc agg ctg ccc aag ggg ggc ggg cct ggg aag agc cct aca cgg 485
 Ala Thr Arg Leu Pro Lys Gly Gly Gly Pro Gly Lys Ser Pro Thr Arg
 140 145 150 155

25 ggc agc acc tag gatggggcag agacttggtg catctttgtc cccagcaaag 537
 Gly Ser Thr

gctacatgtt acctccttca attgataata aacctttctg agatgcagag ggtccaggtc 597

26/360

<210> 12

<211> 158

5 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 12

Met Ala Ala Gln Gly Val Gly Pro Gly Pro Gly Ser Ala Ala Pro Pro

10 1 5 10 15

Gly Leu Glu Ala Ala Arg Gln Lys Leu Ala Leu Arg Arg Lys Lys Val

20 25 30

15 Leu Ser Thr Glu Glu Met Glu Leu Tyr Glu Leu Ala Gln Ala Ala Gly

35 40 45

Gly Ala Ile Asp Pro Asp Val Phe Lys Ile Leu Val Asp Leu Leu Lys

50 55 60

20

Leu Asn Val Ala Pro Leu Ala Val Phe Gln Met Leu Lys Ser Met Cys

65 70 75 80

Ala Gly Gln Arg Leu Ala Ser Glu Pro Gln Asp Pro Ala Ala Val Ser

25 85 90 95

Leu Pro Thr S r Ser Val Pro Glu Thr Arg Gly Arg Asn Lys Gly Ser

100 105 110

27/360

Ala Ala Leu Gly Gly Ala Leu Ala Leu Ala Glu Arg Ser Ser Arg Glu

115

120

125

5 Gly Ser Ser Gln Arg Met Pro Arg Gln Pro Ser Ala Thr Arg Leu Pro

130

135

140

Lys Gly Gly Gly Pro Gly Lys Ser Pro Thr Arg Gly Ser Thr

145

150

155

10

<210> 13

<211> 760

<212> DNA

<213> Homo sapiens

15

<220>

<221> CDS

<222> (97).. (696)

20 <400> 13

ttggggacgg accggaagtg cccgagggcg gccgcagaac ggtcaatttg agccgcgtcg 60

agctcccctg ggacctgtgg ccgcccacca cagacc atg ctc ctg ggg cgc ctg 114

Met Leu Leu Gly Arg Leu

25

1

5

act tcc cag ctg ttg agg gcc gtt cct tgg gca ggc ggc cgc ccg cct 162

Thr Ser Gln Leu L u Arg Ala Val Pro Trp Ala Gly Gly Arg Pro Pro

28/360

	10	15	20	
	tgg ccc gtc tct gga gtg ctg ggc agc cgg gtc tgc ggg ccc ctt tac 210 Trp Pro Val Ser Gly Val Leu Gly Ser Arg Val Cys Gly Pro Leu Tyr			
5	25	30	35	
	agc aca tcg ccg gcc ggc cca ggt agg gcg gcc tct ctc cct cgc aag 258 Ser Thr Ser Pro Ala Gly Pro Gly Arg Ala Ala Ser Leu Pro Arg Lys			
	40	45	50	
10				
	ggg gcc cag ctg gag ctg gag gag atg ctg gtc ccc agg aag atg tcc 306 Gly Ala Gln Leu Glu Leu Glu Glu Met Leu Val Pro Arg Lys Met Ser			
	55	60	65	70
15				
	gtc agc ccc ctg gag agc tgg ctc acg gcc cgc tgc ttc ctg ccc aga 354 Val Ser Pro Leu Glu Ser Trp Leu Thr Ala Arg Cys Phe Leu Pro Arg			
	75	80	85	
	ctg gat acc ggg acc gca ggg act gtg gct cca ccg caa tcc tac cag 402 Leu Asp Thr Gly Thr Ala Gly Thr Val Ala Pro Pro Gln Ser Tyr Gln			
20	90	95	100	
	tgt ccg ccc agc cag ata ggg gaa ggg gcc gag cag ggg gat gaa ggc 450 Cys Pro Pro Ser Gln Ile Gly Glu Gly Ala Glu Gln Gly Asp Glu Gly			
25	105	110	115	
	gtc gcg gat gcg cct caa att cag tgc aaa aac gtg ctg aag atc cgc 498 Val Ala Asp Ala Pro Gln Ile Gln Cys Lys Asn Val Leu Lys Ile Arg			

29/360

120

125

130

cgg cgg aag atg aac cac cac aag tac cgg aag ctg gtg aag aag acg 546

Arg Arg Lys Met Asn His His Lys Tyr Arg Lys Leu Val Lys Lys Thr

5 135 140 145 150

cgg ttc ctg cgg agg aag gtc cag gag gga cgc ctg aga cgc aag cag 594

Arg Phe Leu Arg Arg Lys Val Gln Glu Gly Arg Leu Arg Arg Lys Gln

155 160 165

10

atc aag ttc gag aaa gac ctg agg cgc atc tgg ctg aag gcg ggg cta 642

Ile Lys Phe Glu Lys Asp Leu Arg Arg Ile Trp Leu Lys Ala Gly Leu

170 175 180

15 aag gaa gcc ccc gaa ggc tgg cag acc ccc aag atc tac ctg cgg ggc 690

Lys Glu Ala Pro Glu Gly Trp Gln Thr Pro Lys Ile Tyr Leu Arg Gly

185 190 195

aaa tga gtctggcgcc gcccttccc cccgttgctg ctgtgatccg tagtaataaa 746

20 Lys

200

ttctcagaga actc

760

25

<210> 14

<211> 199

30/360

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 14

5 Met Leu Leu Gly Arg Leu Thr Ser Gln Leu Leu Arg Ala Val Pro Trp

1 5 10 15

Ala Gly Gly Arg Pro Pro Trp Pro Val Ser Gly Val Leu Gly Ser Arg

20 25 30

10

Val Cys Gly Pro Leu Tyr Ser Thr Ser Pro Ala Gly Pro Gly Arg Ala

35 40 45

Ala Ser Leu Pro Arg Lys Gly Ala Gln Leu Glu Leu Glu Glu Met Leu

15 50 55 60

Val Pro Arg Lys Met Ser Val Ser Pro Leu Glu Ser Trp Leu Thr Ala

65 70 75 80

20 Arg Cys Phe Leu Pro Arg Leu Asp Thr Gly Thr Ala Gly Thr Val Ala

85 90 95

Pro Pro Gln Ser Tyr Gln Cys Pro Pro Ser Gln Ile Gly Glu Gly Ala

100 105 110

25

Glu Gln Gly Asp Glu Gly Val Ala Asp Ala Pro Gln Ile Gln Cys Lys

115 120 125

31/360

Asn Val Leu Lys Ile Arg Arg Arg Lys Met Asn His His Lys Tyr Arg

130

135

140

Lys Leu Val Lys Lys Thr Arg Phe Leu Arg Arg Lys Val Gln Glu Gly

5 145

150

155

160

Arg Leu Arg Arg Lys Gln Ile Lys Phe Glu Lys Asp Leu Arg Arg Ile

165

170

175

10 Trp Leu Lys Ala Gly Leu Lys Glu Ala Pro Glu Gly Trp Gln Thr Pro

180

185

190

Lys Ile Tyr Leu Arg Gly Lys

195

15

<210> 15

<211> 806

<212> DNA

20 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (15).. (767)

25

<400> 15

agttatgcga aaac atg gct gcg gcc ggt ttg gcc ctt ctt tgt agg aga 50

Met Ala Ala Ala Gly Leu Ala Leu Leu Cys Arg Arg

32/360

	1	5	10	
	gtt tca tcc gcc ctg aaa tct tcc cga tgc tta ata act cct cag gtc 98			
	Val Ser Ser Ala Leu Lys Ser Ser Arg Ser Leu Ile Thr Pro Gln Val			
5	15	20	25	
	cct gcc tgc aca ggg ttt ttt ctt agt ttg ttg cct aag agt aca cca 146			
	Pro Ala Cys Thr Gly Phe Phe Leu Ser Leu Leu Pro Lys Ser Thr Pro			
	30	35	40	
10	aat gtg aca tcc ttt cac caa tat aga tta ctt cat acc aca ttg tca 194			
	Asn Val Thr Ser Phe His Gln Tyr Arg Leu Leu His Thr Thr Leu Ser			
	45	50	55	60
15	agg aaa gga cta gaa gaa ttt ttt gat gac cca aaa aac tgg ggg caa 242			
	Arg Lys Gly Leu Glu Glu Phe Phe Asp Asp Pro Lys Asn Trp Gly Gln			
	65	70	75	
	gaa aaa gta aaa tct gga gca gca tgg acc tgt cag caa cta agg aac 290			
20	Glu Lys Val Lys Ser Gly Ala Ala Trp Thr Cys Gln Gln Leu Arg Asn			
	80	85	90	
	aaa agt aat gaa gat tta cac aaa ctt tgg tat gtc tta ctg aaa gaa 338			
	Lys Ser Asn Glu Asp Leu His Lys Leu Trp Tyr Val Leu Leu Lys Glu			
25	95	100	105	
	aga aac atg ctt cta acc cta gag cag gag gcc aag cgg cag aga ttg 386			
	Arg Asn Met Leu Leu Thr Leu Glu Gln Glu Ala Lys Arg Gln Arg Leu			

33/360

110

115

120

cca atg cca agt cca gag cgg tta gat aag gta gta gat tcc atg gat 434

Pro Met Pro Ser Pro Glu Arg Leu Asp Lys Val Val Asp Ser Met Asp

5 125 130 135 140

gca tta gat aaa gtt gtc cag gaa aga gaa gat gcc cta agg ctt ctt 482

Ala Leu Asp Lys Val Val Gln Glu Arg Glu Asp Ala Leu Arg Leu Leu

145 150 155

10

cag act ggt caa gaa aga gct aga cct ggt gct tgg aga aga gac atc 530

Gln Thr Gly Gln Glu Arg Ala Arg Pro Gly Ala Trp Arg Arg Asp Ile

160 165 170

15 ttt gga aga atc atc tgg cac aag ttc aag cag tgg gtt ata cct tgg 578

Phe Gly Arg Ile Ile Trp His Lys Phe Lys Gln Trp Val Ile Pro Trp

175 180 185

cac cta aat aaa aga tac aat agg aaa cga ttc ttt gcc ttg cct tat 626

20 His Leu Asn Lys Arg Tyr Asn Arg Lys Arg Phe Phe Ala Leu Pro Tyr

190 195 200

gtg gac cat ttt ctc aga ctg gaa cgt gag aaa cga gcc cgc atc aaa 674

Val Asp His Phe Leu Arg Leu Glu Arg Glu Lys Arg Ala Arg Ile Lys

25 205 210 215 220

gca cgg aag gaa aat tta gag aga aag aaa gca aaa att ctt tta aaa 722

Ala Arg Lys Glu Asn Leu Glu Arg Lys Lys Ala Lys Ile Leu Leu Lys

34/360

225

230

235

aag ttt cca cat ctt gct gaa gcc caa aag tca agt ctt gtc taa 767

Lys Phe Pro His Leu Ala Glu Ala Gln Lys Ser Ser Leu Val

5

240

245

250

gatgtctgaa ctattaaatt taccattttg tttttcttg 806

10 <210> 16

<211> 250

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15 <400> 16

Met Ala Ala Ala Gly Leu Ala Leu Leu Cys Arg Arg Val Ser Ser Ala

1

5

10

15

Leu Lys Ser Ser Arg Ser Leu Ile Thr Pro Gln Val Pro Ala Cys Thr

20

20

25

30

Gly Phe Phe Leu Ser Leu Leu Pro Lys Ser Thr Pro Asn Val Thr Ser

35

40

45

25 Phe His Gln Tyr Arg Leu Leu His Thr Thr Leu Ser Arg Lys Gly Leu

50

55

60

Glu Glu Phe Phe Asp Asp Pro Lys Asn Trp Gly Gln Glu Lys Val Lys

35/360

65 70 75 80

Ser Gly Ala Ala Trp Thr Cys Gln Gln Leu Arg Asn Lys Ser Asn Glu

85 90 95

5

Asp Leu His Lys Leu Trp Tyr Val Leu Leu Lys Glu Arg Asn Met Leu

100 105 110

Leu Thr Leu Glu Gln Glu Ala Lys Arg Gln Arg Leu Pro Met Pro Ser

10 115 120 125

Pro Glu Arg Leu Asp Lys Val Val Asp Ser Met Asp Ala Leu Asp Lys

130 135 140

15 Val Val Gln Glu Arg Glu Asp Ala Leu Arg Leu Leu Gln Thr Gly Gln

145 150 155 160

Glu Arg Ala Arg Pro Gly Ala Trp Arg Arg Asp Ile Phe Gly Arg Ile

165 170 175

20

Ile Trp His Lys Phe Lys Gln Trp Val Ile Pro Trp His Leu Asn Lys

180 185 190

Arg Tyr Asn Arg Lys Arg Phe Phe Ala Leu Pro Tyr Val Asp His Phe

25 195 200 205

Leu Arg Leu Glu Arg Glu Lys Arg Ala Arg Ile Lys Ala Arg Lys Glu

210 215 220

36/360

Asn Leu Glu Arg Lys Lys Ala Lys Ile Leu Leu Lys Lys Phe Pro His

225

230

235

240

5 Leu Ala Glu Ala Gln Lys Ser Ser Leu Val

245

250

<210> 17

10 <211> 3907

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

15 <221> CDS

<222> (132).. (1976)

<400> 17

aacatggccg cgcccagggg agatggcgtg caagtatccg ctgcggtgtt ctggtgctag 60

20

agtggagagg ctggcaaaga agaaggcaca cgcatggtga gaatccggcc tgagccgaag 120

cggagtttgc t atg gac agc aac cat caa agt aat tac aaa ctc agt aaa 170

Met Asp Ser Asn His Gln Ser Asn Tyr Lys Leu Ser Lys

25

1

5

10

act gag aag aag ttc tta agg aaa cag att aaa gcc aag cat act ttg 218

Thr Glu Lys Lys Phe Leu Arg Lys Gln Ile Lys Ala Lys His Thr Leu

37/360

15

20

25

ctg aga cat gaa ggc att gag aca gta tcc tat gcc act cag agc ctg 266

Leu Arg His Glu Gly Ile Glu Thr Val Ser Tyr Ala Thr Gln Ser Leu

5 30 35 40 45

gtt gtt gcc aat ggt ggt ttg ggt aat ggt gtg agt cgg aac cag ctg 314

Val Val Ala Asn Gly Gly Leu Gly Asn Gly Val Ser Arg Asn Gln Leu

50 55 60

10

ctc ccg gtt tta gag aaa tgt gga ctg gtg gat gct ctc tta atg cca 362

Leu Pro Val Leu Glu Lys Cys Gly Leu Val Asp Ala Leu Leu Met Pro

65 70 75

15 cct aac aag ccg tac tca ttt gca aga tac aga act aca gaa gaa tct 410

Pro Asn Lys Pro Tyr Ser Phe Ala Arg Tyr Arg Thr Thr Glu Glu Ser

80 85 90

aag aga gcc tat gtt acc ctc aat gga aaa gaa gta gtg gat gat tta 458

20 Lys Arg Ala Tyr Val Thr Leu Asn Gly Lys Glu Val Val Asp Asp Leu

95 100 105

gga caa aag atc act ctg tat ttg aat ttt gtg gaa aaa gtg cag tgg 506

Gly Gln Lys Ile Thr Leu Tyr Leu Asn Phe Val Glu Lys Val Gln Trp

25 110 115 120 125

aag gag ttg agg cct caa gcc tta cca cca gga ctc atg gta gta gaa 554

Lys Glu Leu Arg Pro Gln Ala Leu Pro Pro Gly Leu Met Val Val Glu

38/360

	130	135	140	
	gaa ata att tct tct gag gag gag aaa atg ctt ttg gaa agt gtt gat			602
	Glu Ile Ile Ser Ser Glu Glu Glu Lys Met Leu Leu Glu Ser Val Asp			
5	145	150	155	
	tgg aca gaa gat aca gac aat caa aac tct caa aaa tcc tta aaa cac			650
	Trp Thr Glu Asp Thr Asp Asn Gln Asn Ser Gln Lys Ser Leu Lys His			
	160	165	170	
10				
	aga aga gta aag cat ttt ggt tat gag ttc cac tat gag aac aac aat			698
	Arg Arg Val Lys His Phe Gly Tyr Glu Phe His Tyr Glu Asn Asn Asn			
	175	180	185	
15	gta gat aaa gat aag cca tta tct ggg ggt ctt cct gac att tgt gaa			746
	Val Asp Lys Asp Lys Pro Leu Ser Gly Gly Leu Pro Asp Ile Cys Glu			
	190	195	200	205
	agc ttt ttg gag aaa tgg ttg agg aaa ggt tac att aaa cat aaa cct			794
20	Ser Phe Leu Glu Lys Trp Leu Arg Lys Gly Tyr Ile Lys His Lys Pro			
	210	215	220	
	gat caa atg acc ata aat cag tat gaa cct ggg caa gga att ccc gct			842
	Asp Gln Met Thr Ile Asn Gln Tyr Glu Pro Gly Gln Gly Ile Pro Ala			
25	225	230	235	
	cat att gac aca cat tcc gct ttt gag gat gag atc gtt tct ctc agt			890
	His Ile Asp Thr His Ser Ala Phe Glu Asp Glu Ile Val Ser Leu Ser			

39/360

	240	245	250	
	ttg ggg tca gag att gtc atg gat ttt aag cac cca gat ggc att gca			938
	Leu Gly Ser Glu Ile Val Met Asp Phe Lys His Pro Asp Gly Ile Ala			
5	255	260	265	
	gtg cca gtt atg ttg cct cgt cgg agt ttg ctg gtg atg aca gga gaa			986
	Val Pro Val Met Leu Pro Arg Arg Ser Leu Leu Val Met Thr Gly Glu			
	270	275	280	285
10	tct aga tac ctt tgg acc cat gga atc acg tgc aga aaa ttt gat act			1034
	Ser Arg Tyr Leu Trp Thr His Gly Ile Thr Cys Arg Lys Phe Asp Thr			
	290	295	300	
15	gtt caa gca tct gag agt ctt aaa agt gga att atc acc agt gat gtt			1082
	Val Gln Ala Ser Glu Ser Leu Lys Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asp Val			
	305	310	315	
	gga gac tta act tta agc aag agg gga cta cga aca tca ttt aca ttt			1130
20	Gly Asp Leu Thr Leu Ser Lys Arg Gly Leu Arg Thr Ser Phe Thr Phe			
	320	325	330	
	agg aaa gtg agg caa aca cct tgt aac tgt agt tac ccg ttg gtc tgt			1178
	Arg Lys Val Arg Gln Thr Pro Cys Asn Cys Ser Tyr Pro Leu Val Cys			
25	335	340	345	
	gat agc cag agg aaa gag act ccc ccc tca ttt cca gag agt gat aaa			1226
	Asp Ser Gln Arg Lys Glu Thr Pro Pro Ser Phe Pro Glu Ser Asp Lys			

40/360

350 355 360 365

gaa gcc tca cgg ctg gag caa gag tac gtc cat cag gtt tat gaa gag 1274

Glu Ala Ser Arg Leu Glu Gln Glu Tyr Val His Gln Val Tyr Glu Glu

5 370 375 380

att gct ggg cac ttc agc agc aca aga cat acc cct tgg ccg cac att 1322

Ile Ala Gly His Phe Ser Ser Thr Arg His Thr Pro Trp Pro His Ile

385 390 395

10

gtg gag ttt ttg aag gct ttg cca agt ggt tca ata gtg gct gat att 1370

Val Glu Phe Leu Lys Ala Leu Pro Ser Gly Ser Ile Val Ala Asp Ile

400 405 410

15 gga tgt ggt aat gga aag tat ctt ggc atc aat aag gag tta tat atg 1418

Gly Cys Gly Asn Gly Lys Tyr Leu Gly Ile Asn Lys Glu Leu Tyr Met

415 420 425

gag cgt aga gtg gca gct ctc caa gaa att gtt cga ctc ctg aga cca 1466

20 Glu Arg Arg Val Ala Ala Leu Gln Glu Ile Val Arg Leu Leu Arg Pro

430 435 440 445

ggt ggg aag gca ctc att tat gtc tgg gca atg gaa caa gaa tat aat 1514

Gly Gly Lys Ala Leu Ile Tyr Val Trp Ala Met Glu Gln Glu Tyr Asn

25 450 455 460

aag cag aag tcc aag tat ctt aga gga aac aga aat agc caa gga aag 1562

Lys Gln Lys Ser Lys Tyr Leu Arg Gly Asn Arg Asn Ser Gln Gly Lys

41/360

	465	470	475	
	aaa gag gag atg aac agt gat acc tca gtg cag agg tca ctt gtg gag			1610
	Lys Glu Glu Met Asn Ser Asp Thr Ser Val Gln Arg Ser Leu Val Glu			
5	480	485	490	
	caa atg cgt gac atg ggc agt cga gac tcg gca tct tct gtc ccc cgc			1658
	Gln Met Arg Asp Met Gly Ser Arg Asp Ser Ala Ser Ser Val Pro Arg			
	495	500	505	
10	att aat gac tct cag gaa gga gga tgt aat tca agg caa gtt tct aat			1706
	Ile Asn Asp Ser Gln Glu Gly Gly Cys Asn Ser Arg Gln Val Ser Asn			
	510	515	520	525
15	tcc aag ctg cct gtt cat gtt aac agg act tct ttt tat tct caa gat			1754
	Ser Lys Leu Pro Val His Val Asn Arg Thr Ser Phe Tyr Ser Gln Asp			
	530	535	540	
	gta ctg gtt ccc tgg cac ctt aag gga aat cct gat aaa ggc aaa cct			1802
20	Val Leu Val Pro Trp His Leu Lys Gly Asn Pro Asp Lys Gly Lys Pro			
	545	550	555	
	gtt gag cca ttt ggt ccc ata gga tcc cag gac cca agt cct gtg ttt			1850
	Val Glu Pro Phe Gly Pro Ile Gly Ser Gln Asp Pro Ser Pro Val Phe			
25	560	565	570	
	cat cgt tac tac cat gtg ttc cgt gag gga gaa ctg gaa ggt gcc tgc			1898
	His Arg Tyr Tyr His Val Phe Arg Glu Gly Glu Leu Glu Gly Ala Cys			

42/360

575

580

585

agg act gtg agt gat gtc aga att ctg caa agc tac tac gat caa gga 1946

Arg Thr Val Ser Asp Val Arg Ile Leu Gln Ser Tyr Tyr Asp Gln Gly

5

590

595

600

605

aac tgg tgt gtg att ctt caa aag gcc tga ttatttacct gaacacatca 1996

Asn Trp Cys Val Ile Leu Gln Lys Ala

610

615

10

tatataaaga agaaatgctc acttaaaaaa aaagagagaa taaattaatt acccttttaa 2056

ttaaagagaa aacttgtggg aaagtaccaa aggaaagctg agaaaaattt ggaagtaggg 2116

15

attcattagg agacattcaa atgtctcctg ttggctgaca tcacagatgt ggtgttggct 2176

cctcctactt ccctaggaga ggtggtttct aaaagtgatt gaagcagttt gtgcagtgtt 2236

tgtaattott gggtaagagc ccaggatitt gaagataata gttttttagt aaagtgtac 2296

20

taaagttagt aaatcatgta ggattttagg gatgtaatta tatgttaata cagaaaaatag 2356

tcctggtcaa tagaaaattg totgaagttt tacctatgat ttttagctct gtaaaatcat 2416

25

agacaataac cattctatit ccatgcctga ctagcccagg gctggacgta tagcgggtgt 2476

ccaataacgt ttagtcaatc agataatacc cagaacttag taggagtttc attcaaaaac 2536

tatTTTTga acccaaccat gtaccagtta ctatTTtaag tactgataat gaagcagtga 2596

ataagaaaga gcaaagctct tgcccttatg gtgottacat tctagacggg gagacagaca 2656

5 gcaggcaaat caataaatag atactatgtg ccagatagtg ataatgcca tgaanaacat 2716

aaatgagag acgattcacc ttggagcaaa agattacttt taagtactg aaataactac 2776

taatcctgac taatttatta tcaagagtta attggtattc caaattcatt gagcagggtg 2836

10

ctaaaaacaa cccaaatgtg ctcttttaac tcctttgttt aaatgacaaa agttagaatg 2896

tggtcactca gacctaaactg tgcccttaga gccaaagctg tgggtgcatt attggttatt 2956

15 tctagttgat tcatagtttg tcccaatcca ggttcaatcg ggttatTTTT aagatctgta 3016

caatattgca taatagtaac ccagttaact taccacttag gttagatttc ctggagggaac 3076

aaaggtagaa attcaaccat aggtcaaatt atcacataga aggaaaaggc ttttttcaa 3136

20

agaaaaaatt tttgaacac ttactccca gtatgcatta ctttttagt agtaatgctt 3196

aagactgttt taaagaaaaa ttgctttctg tttaattaat gtttactggt attaagtcta 3256

25 gtgatactta atcttgaagc atcaagtttt cagaaacctg tagtgatcaa taatgggtct 3316

cagatgagag gatgattatt ttttcatgg aatttcagtc caacatcctg gtgtactggt 3376

44/360

ccctctggga tgaatttata aggctcatga tataggaaaa ggaatatagg gctaaaaata 3436

gttttatttc tgatataaat tctggtactt gacaccaaag ttigaagtca agtcatgccca 3496

5 ataaatttta acatccaaat gaaatagatg attttctatg aagatgaaaa ataccaaaat 3556

tgactcaaga agggagagaa aatggaagat gttgaaaaat agcataggaa ttcagaactg 3616

ggctctagaa tcagatttcc tgagagttga attctagatc tgccatttat tagctgtggg 3676

10

attttgggca aatttcttga ctttctgtgc ttcagttttc ttagctgtaa aattggaaga 3736

gttgttatga aaattcactg aaagtatatt tgtatacatc ataggatagt gtaagaatat 3796

15 agtatggott tgagaaatgt tcattattat tactcccaga ggagttttag gtattaagtg 3856

atgccaaata taatttgta attgtataat aaaaatctat attcttactg a 3907

20 <210> 18

<211> 614

<212> PRT

<213> Homo sapiens

25 <400> 18

Met Asp Ser Asn His Gln Ser Asn Tyr Lys Leu Ser Lys Thr Glu Lys

1

5

10

15

45/360

Lys Phe Leu Arg Lys Gln Ile Lys Ala Lys His Thr Leu Leu Arg His

20

25

30

Glu Gly Ile Glu Thr Val Ser Tyr Ala Thr Gln Ser Leu Val Val Ala

5

35

40

45

Asn Gly Gly Leu Gly Asn Gly Val Ser Arg Asn Gln Leu Leu Pro Val

50

55

60

10 Leu Glu Lys Cys Gly Leu Val Asp Ala Leu Leu Met Pro Pro Asn Lys

65

70

75

80

Pro Tyr Ser Phe Ala Arg Tyr Arg Thr Thr Glu Glu Ser Lys Arg Ala

85

90

95

15

Tyr Val Thr Leu Asn Gly Lys Glu Val Val Asp Asp Leu Gly Gln Lys

100

105

110

Ile Thr Leu Tyr Leu Asn Phe Val Glu Lys Val Gln Trp Lys Glu Leu

20

115

120

125

Arg Pro Gln Ala Leu Pro Pro Gly Leu Met Val Val Glu Glu Ile Ile

130

135

140

25 Ser Ser Glu Glu Glu Lys Met Leu Leu Glu Ser Val Asp Trp Thr Glu

145

150

155

160

Asp Thr Asp Asn Gln Asn Ser Gln Lys Ser Leu Lys His Arg Arg Val

46/360

165 170 175

Lys His Phe Gly Tyr Glu Phe His Tyr Glu Asn Asn Asn Val Asp Lys

180 185 190

5

Asp Lys Pro Leu Ser Gly Gly Leu Pro Asp Ile Cys Glu Ser Phe Leu

195 200 205

Glu Lys Trp Leu Arg Lys Gly Tyr Ile Lys His Lys Pro Asp Gln Met

10 210 215 220

Thr Ile Asn Gln Tyr Glu Pro Gly Gln Gly Ile Pro Ala His Ile Asp

225 230 235 240

15 Thr His Ser Ala Phe Glu Asp Glu Ile Val Ser Leu Ser Leu Gly Ser

245 250 255

Glu Ile Val Met Asp Phe Lys His Pro Asp Gly Ile Ala Val Pro Val

260 265 270

20

Met Leu Pro Arg Arg Ser Leu Leu Val Met Thr Gly Glu Ser Arg Tyr

275 280 285

Leu Trp Thr His Gly Ile Thr Cys Arg Lys Phe Asp Thr Val Gln Ala

25 290 295 300

Ser Glu Ser Leu Lys S r Gly Ile Ile Thr Ser Asp Val Gly Asp Leu

305 310 315 320

47/360

Thr Leu Ser Lys Arg Gly Leu Arg Thr Ser Phe Thr Phe Arg Lys Val

325

330

335

5 Arg Gln Thr Pro Cys Asn Cys Ser Tyr Pro Leu Val Cys Asp Ser Gln

340

345

350

Arg Lys Glu Thr Pro Pro Ser Phe Pro Glu Ser Asp Lys Glu Ala Ser

355

360

365

10

Arg Leu Glu Gln Glu Tyr Val His Gln Val Tyr Glu Glu Ile Ala Gly

370

375

380

His Phe Ser Ser Thr Arg His Thr Pro Trp Pro His Ile Val Glu Phe

15 385

390

395

400

Leu Lys Ala Leu Pro Ser Gly Ser Ile Val Ala Asp Ile Gly Cys Gly

405

410

415

20 Asn Gly Lys Tyr Leu Gly Ile Asn Lys Glu Leu Tyr Met Glu Arg Arg

420

425

430

Val Ala Ala Leu Gln Glu Ile Val Arg Leu Leu Arg Pro Gly Gly Lys

435

440

445

25

Ala Leu Ile Tyr Val Trp Ala Met Glu Gln Glu Tyr Asn Lys Gln Lys

450

455

460

48/360

Ser Lys Tyr Leu Arg Gly Asn Arg Asn Ser Gln Gly Lys Lys Glu Glu
 465 470 475 480

Met Asn Ser Asp Thr Ser Val Gln Arg Ser Leu Val Glu Gln Met Arg
 5 485 490 495

Asp Met Gly Ser Arg Asp Ser Ala Ser Ser Val Pro Arg Ile Asn Asp
 500 505 510

10 Ser Gln Glu Gly Gly Cys Asn Ser Arg Gln Val Ser Asn Ser Lys Leu
 515 520 525

Pro Val His Val Asn Arg Thr Ser Phe Tyr Ser Gln Asp Val Leu Val
 530 535 540

15

Pro Trp His Leu Lys Gly Asn Pro Asp Lys Gly Lys Pro Val Glu Pro
 545 550 555 560

Phe Gly Pro Ile Gly Ser Gln Asp Pro Ser Pro Val Phe His Arg Tyr
 20 565 570 575

Tyr His Val Phe Arg Glu Gly Glu Leu Glu Gly Ala Cys Arg Thr Val
 580 585 590

25 Ser Asp Val Arg Ile Leu Gln Ser Tyr Tyr Asp Gln Gly Asn Trp Cys
 595 600 605

Val Ile Leu Gln Lys Ala

49/360

610

<210> 19

5 <211> 901

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

10 <221> CDS

<222> (36).. (635)

<400> 19

aaaaagaaat tcccgggctc tggcttcttg ggcgc atg agg ttc cgg ttc tgt 53

15 Met Arg Phe Arg Phe Cys

1

5

ggc gat ctg gac tgt ccc gac tgg gtc ctg gca gaa atc agc acg ctg 101

Gly Asp Leu Asp Cys Pro Asp Trp Val Leu Ala Glu Ile Ser Thr Leu

20

10

15

20

gcc aag atg tcc tct gtg aag ttg cgg ctg ctc tgc agc cag gta cta 149

Ala Lys Met Ser Ser Val Lys Leu Arg Leu Leu Cys Ser Gln Val Leu

25

30

35

25

aag gag ctg ctg gga cag ggg att gat tat gag aag atc ctg aag ctc 197

Lys Glu Leu Leu Gly Gln Gly Ile Asp Tyr Glu Lys Ile Leu Lys Leu

40

45

50

50/360

acg gct gac gcc aag ttt gag tca ggc gat gtg aag gcc aca gtg gca 245
 Thr Ala Asp Ala Lys Phe Glu Ser Gly Asp Val Lys Ala Thr Val Ala
 55 60 65 70

5

gtg ctg agt ttc atc ctc tcc agt gcg gcc aag cac agt gtc gat ggc 293
 Val Leu Ser Phe Ile Leu Ser Ser Ala Ala Lys His Ser Val Asp Gly
 75 80 85

10 gaa tcc ttg tcc agt gaa ctg cag cag ctg ggg ctg ccc aaa gag cac 341
 Glu Ser Leu Ser Ser Glu Leu Gln Gln Leu Gly Leu Pro Lys Glu His
 90 95 100

gcg gcc agc ctg tgc cgc tgt tat gag gag aag caa agc ccc ttg cag 389
 15 Ala Ala Ser Leu Cys Arg Cys Tyr Glu Glu Lys Gln Ser Pro Leu Gln
 105 110 115

aag cac ttg cgg gtc tgc agc cta cgc atg aat agg ttg gca ggt gtg 437
 Lys His Leu Arg Val Cys Ser Leu Arg Met Asn Arg Leu Ala Gly Val
 20 120 125 130

ggc tgg cgg gtg gac tac acc ctg agc tcc agc ctg ctg caa tcc gtg 485
 Gly Trp Arg Val Asp Tyr Thr Leu Ser Ser Ser Leu Leu Gln Ser Val
 135 140 145 150

25

gaa gag ccc atg gtg cac ctg cgg ctg gag gtg gca gct gcc cca ggg 533
 Glu Glu Pro Met Val His Leu Arg Leu Glu Val Ala Ala Ala Pro Gly
 155 160 165

51/360

acc cca gcc cag cct gtt gcc atg tcc ctc tca gca gac aag ttc cag 581

Thr Pro Ala Gln Pro Val Ala Met Ser Leu Ser Ala Asp Lys Phe Gln

170

175

180

5

gtc ctc ctg gca gaa ctg aag cag gcc cag acc ctg atg agc tcc ctg 629

Val Leu Leu Ala Glu Leu Lys Gln Ala Gln Thr Leu Met Ser Ser Leu

185

190

195

10 ggc tga ggagaagggt gttccaggcc tgtgtggagc cgccctgccc gtatggagtc 685

Gly

200

acgccctctg aactgctctt cgggaggcag ccctggttct aggatgctga ggccctggcc 745

15

oggactctgg cctccagat cccagctgc ctcaattctc tcttgagaac ttggctcagg 805

gtcctgagg acctttccca gcattacctt cccttccctt gaaaggcaat tgttggtgt 865

20 tttcataagc aggaaaaata aacagaagta taaagg

901

<210> 20

<211> 199

25 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 20

52/360

Met Arg Phe Arg Phe Cys Gly Asp Leu Asp Cys Pro Asp Trp Val Leu
 1 5 10 15

Ala Glu Ile Ser Thr Leu Ala Lys Met Ser Ser Val Lys Leu Arg Leu
 5 20 25 30

Leu Cys Ser Gln Val Leu Lys Glu Leu Leu Gly Gln Gly Ile Asp Tyr
 35 40 45

10 Glu Lys Ile Leu Lys Leu Thr Ala Asp Ala Lys Phe Glu Ser Gly Asp
 50 55 60

Val Lys Ala Thr Val Ala Val Leu Ser Phe Ile Leu Ser Ser Ala Ala
 65 70 75 80
 15

Lys His Ser Val Asp Gly Glu Ser Leu Ser Ser Glu Leu Gln Gln Leu
 85 90 95

Gly Leu Pro Lys Glu His Ala Ala Ser Leu Cys Arg Cys Tyr Glu Glu
 20 100 105 110

Lys Gln Ser Pro Leu Gln Lys His Leu Arg Val Cys Ser Leu Arg Met
 115 120 125

25 Asn Arg Leu Ala Gly Val Gly Trp Arg Val Asp Tyr Thr Leu Ser Ser
 130 135 140

Ser Leu Leu Gln Ser Val Glu Glu Pro Met Val His Leu Arg L u Glu

53/360

145 150 155 160

Val Ala Ala Ala Pro Gly Thr Pro Ala Gln Pro Val Ala Met Ser Leu

165 170 175

5

Ser Ala Asp Lys Phe Gln Val Leu Leu Ala Glu Leu Lys Gln Ala Gln

180 185 190

Thr Leu Met Ser Ser Leu Gly

10 195

<210> 21

<211> 1274

15 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

20 <222> (131).. (1111)

<400> 21

acagcgctc gcggcagccc ccaaggaaga ccagcctgcc tctggtcggg tcctggcgct 60

25 ctgcgtttcg tgaccttgct cagtagaagg ctatttaatt ttcacaactg cttgaatttt 120

gacatacaag atg aag caa gat gcc tca aga aat gct gcc tac act gtg 169

Met Lys Gln Asp Ala Ser Arg Asn Ala Ala Tyr Thr Val

54/360

	1	5	10	
	gat tgt gaa gat tat gtg cat gtg gta gaa ttt aat ccc ttt gag aat 217			
	Asp Cys Glu Asp Tyr Val His Val Val Glu Phe Asn Pro Phe Glu Asn			
5	15	20	25	
	ggg gat tca gga aac cta att gca tat ggt ggc aat aat tat gtg gtc 265			
	Gly Asp Ser Gly Asn Leu Ile Ala Tyr Gly Gly Asn Asn Tyr Val Val			
	30	35	40	45
10				
	att ggc acg tgt acg ttt cag gaa gaa gaa gca gac gtt gaa ggc att 313			
	Ile Gly Thr Cys Thr Phe Gln Glu Glu Glu Ala Asp Val Glu Gly Ile			
	50	55	60	
15	cag tat aaa aca ctt cga aca ttt cac cat gga gtc agg gtt gat ggc 361			
	Gln Tyr Lys Thr Leu Arg Thr Phe His His Gly Val Arg Val Asp Gly			
	65	70	75	
	ata gct tgg agc cca gag act aga ctt gat tca ttg cct cca gta atc 409			
20	Ile Ala Trp Ser Pro Glu Thr Arg Leu Asp Ser Leu Pro Pro Val Ile			
	80	85	90	
	aaa ttt tgt act tca gct gct gat atg aaa att aga tta ttt act tca 457			
	Lys Phe Cys Thr Ser Ala Ala Asp Met Lys Ile Arg Leu Phe Thr Ser			
25	95	100	105	
	gat ctt cag gat aaa aat gaa tat aag gtt tta gag ggc cat acc gat 505			
	Asp Leu Gln Asp Lys Asn Glu Tyr Lys Val Leu Glu Gly His Thr Asp			

55/360

110 115 120 125

ttc att aat ggt ttg gtg ttt gat ccc aaa gaa ggc caa gaa att gca 553

Phe Ile Asn Gly Leu Val Phe Asp Pro Lys Glu Gly Gln Glu Ile Ala

5 130 135 140

agt gtg agt gac gat cac acc tgc agg att tgg aac ttg gaa gga gtg 601

Ser Val Ser Asp Asp His Thr Cys Arg Ile Trp Asn Leu Glu Gly Val

145 150 155

10

caa aca gct cat ttt gtt ctt cat tct cct ggc atg agt gtg tgc tgg 649

Gln Thr Ala His Phe Val Leu His Ser Pro Gly Met Ser Val Cys Trp

160 165 170

15 cat cct gag gag act ttt aag cta atg gtt gca gag aag aat gga aca 697

His Pro Glu Glu Thr Phe Lys Leu Met Val Ala Glu Lys Asn Gly Thr

175 180 185

atc cgg ttt tat gat ctt ttg gcc caa cag gct att tta tct ctt gaa 745

20 Ile Arg Phe Tyr Asp Leu Leu Ala Gln Gln Ala Ile Leu Ser Leu Glu

190 195 200 205

tca gaa caa gtg cca tta atg tca gca cac tgg tgc tta aaa aac acc 793

Ser Glu Gln Val Pro Leu Met Ser Ala His Trp Cys Leu Lys Asn Thr

25 210 215 220

ttc aaa gtt gga gcc gtt gca gga aat gat tgg tta att tgg gat att 841

Phe Lys Val Gly Ala Val Ala Gly Asn Asp Trp Leu Ile Trp Asp Ile

56/360

225

230

235

act cgg tcc agt tat cct caa aat aag aga cct gtt cac atg gat cga 889

Thr Arg Ser Ser Tyr Pro Gln Asn Lys Arg Pro Val His Met Asp Arg

5

240

245

250

gcc tgc tta ttc agg tgg tcc aca att agt gaa aat ctg ttt gca acc 937

Ala Cys Leu Phe Arg Trp Ser Thr Ile Ser Glu Asn Leu Phe Ala Thr

255

260

265

10

act ggt tat cct ggc aaa atg gca agc cag ttt caa att cat cat tta 985

Thr Gly Tyr Pro Gly Lys Met Ala Ser Gln Phe Gln Ile His His Leu

270

275

280

285

15

gga cac cct cag ccc atc ctc atg ggt tct gta gcc gtt gga tct gga 1033

Gly His Pro Gln Pro Ile Leu Met Gly Ser Val Ala Val Gly Ser Gly

290

295

300

ctg tcc tgg cat cga act ctc cct ctg tgt gta att gga gga gac cac 1081

20

Leu Ser Trp His Arg Thr Leu Pro Leu Cys Val Ile Gly Gly Asp His

305

310

315

aag ctg ttg ttt tgg gtg act gaa gta taa agtgttttct gtacctaga 1131

Lys Leu Leu Phe Trp Val Thr Glu Val

25

320

325

ttcacaaact ttgtatTTTT agtacatatt ttgaagaatt tctatagtac atatTTTgaa 1191

57/360

gaatttttat atcaaataata ccgtatactt tagaaaatgt ctcagttgct tttattaaat 1251

aaaatgttga tggtttgaaa aat

1274

5

<210> 22

<211> 326

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10

<400> 22

Met Lys Gln Asp Ala Ser Arg Asn Ala Ala Tyr Thr Val Asp Cys Glu

1

5

10

15

15 Asp Tyr Val His Val Val Glu Phe Asn Pro Phe Glu Asn Gly Asp Ser

20

25

30

Gly Asn Leu Ile Ala Tyr Gly Gly Asn Asn Tyr Val Val Ile Gly Thr

35

40

45

20

Cys Thr Phe Gln Glu Glu Glu Ala Asp Val Glu Gly Ile Gln Tyr Lys

50

55

60

Thr Leu Arg Thr Phe His His Gly Val Arg Val Asp Gly Ile Ala Trp

25

65

70

75

80

Ser Pro Glu Thr Arg Leu Asp Ser Leu Pro Pro Val Ile Lys Phe Cys

85

90

95

58/360

Thr Ser Ala Ala Asp Met Lys Ile Arg Leu Phe Thr Ser Asp Leu Gln

100

105

110

5 Asp Lys Asn Glu Tyr Lys Val Leu Glu Gly His Thr Asp Phe Ile Asn

115

120

125

Gly Leu Val Phe Asp Pro Lys Glu Gly Gln Glu Ile Ala Ser Val Ser

130

135

140

10

Asp Asp His Thr Cys Arg Ile Trp Asn Leu Glu Gly Val Gln Thr Ala

145

150

155

160

His Phe Val Leu His Ser Pro Gly Met Ser Val Cys Trp His Pro Glu

15

165

170

175

Glu Thr Phe Lys Leu Met Val Ala Glu Lys Asn Gly Thr Ile Arg Phe

180

185

190

20 Tyr Asp Leu Leu Ala Gln Gln Ala Ile Leu Ser Leu Glu Ser Glu Gln

195

200

205

Val Pro Leu Met Ser Ala His Trp Cys Leu Lys Asn Thr Phe Lys Val

210

215

220

25

Gly Ala Val Ala Gly Asn Asp Trp Leu Ile Trp Asp Ile Thr Arg Ser

225

230

235

240

59/360

Ser Tyr Pro Gln Asn Lys Arg Pro Val His Met Asp Arg Ala Cys Leu
245 250 255

5 Phe Arg Trp Ser Thr Ile Ser Glu Asn Leu Phe Ala Thr Thr Gly Tyr
260 265 270

Pro Gly Lys Met Ala Ser Gln Phe Gln Ile His His Leu Gly His Pro
275 280 285

10 Gln Pro Ile Leu Met Gly Ser Val Ala Val Gly Ser Gly Leu Ser Trp
290 295 300

His Arg Thr Leu Pro Leu Cys Val Ile Gly Gly Asp His Lys Leu Leu
305 310 315 320

15 Phe Trp Val Thr Glu Val
325

20 <210> 23

<211> 1000

<212> DNA

<213> Homo sapiens

25 <220>

<221> CDS

<222> (33).. (185)

60/360

<400> 23

cttttcgagg taggagtcga ctcctgtgag gt atg gtg ctg ggt gca gat gca 53

Met Val Leu Gly Ala Asp Ala

1

5

5

gtg tgg ctc tgg ata gca cct tat gga cag ttg tgt ccc caa gga agg 101

Val Trp Leu Trp Ile Ala Pro Tyr Gly Gln Leu Cys Pro Gln Gly Arg

10

15

20

10 atg aga ata gct act gaa gtc cta aag agc aag cct aac tca agc cat 149

Met Arg Ile Ala Thr Glu Val Leu Lys Ser Lys Pro Asn Ser Ser His

25

30

35

tgg cac aca ggc att aga cag aaa gct gga agt tga aatggtggag 195

15 Trp His Thr Gly Ile Arg Gln Lys Ala Gly Ser

40

45

50

tccaacttgc ctggaccagc ttaatgggtc tgctcctggt aacgttttta tccatggatg 255

20 acttgcttgg gtaaggacat gaagacagtt cctgtcatac cttttaaagg tacatgtttt 315

attgatgtta acgttaattg attgagctac tgttagtgat gattttaaaa ttaaagcaga 375

tggaatctc tctgagaaag aaaatggaga ttaatcttaa actgaaacag tagttgggaa 435

25

atcttttaga aatccaccta ttactaccta ttggtaaagg agattaaatt tctacaggta 495

tggagagtcg gcttgactac actgtgtgga gcaagtttta aagaagcaaa ggactcagaa 555

61/360

ttcattgattg aagaaatgca ggcagacctg ttatcctaaa ctaggtgagt cagcttttgg 615

tacattgtgat gattttcagt gtaaccaatg atgtaatgat tctgccaaat gaaatataat 675

5

gatattcactg taaaaccgtt ccattttgat tctgagggtta ctctactaac aagcatcaca 735

catttgtatt ttgccctgat taatatgttg gottcgcttt cagggttttt aatgaccaca 795

10 acaagcaagc atgcagctta ctgcttgaaa gggctcttgcc tcaccaagc tagagtgcag 855

tggcctttga agcttactac agcctcaaac ttctgggctc aagtgtcct cagcctccca 915

gtggctcttg tagactgcct gatggagtct catggcacaa gaagattaaa acagtgtctc 975

15

caatttttaat aaatttttgc aatcc 1000

<210> 24

20 <211> 50

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 24

25 Met Val Leu Gly Ala Asp Ala Val Trp Leu Trp Ile Ala Pro Tyr Gly

1

5

10

15

Gln Leu Cys Pro Gln Gly Arg Met Arg Ile Ala Thr Glu Val Leu Lys

62/360

20

25

30

Ser Lys Pro Asn Ser Ser His Trp His Thr Gly Ile Arg Gln Lys Ala

35

40

45

5

Gly Ser

50

10 <210> 25

<211> 1087

<212> DNA

<213> Homo sapiens

15 <220>

<221> CDS

<222> (28).. (558)

<400> 25

20 agcttcoggg tttcctgggc tactacg atg gcg atg agt ttc gag tgg ccg tgg 54

Met Ala Met Ser Phe Glu Trp Pro Trp

1

5

cag tat cgc ttc cca ccc ttc ttt acg tta caa ccg aat gtg gac act 102

25 Gln Tyr Arg Phe Pro Pro Phe Phe Thr Leu Gln Pro Asn Val Asp Thr

10

15

20

25

cgg cag aag cag ctg gcc gcc tgg tgc tcg ctg gtc ctg tcc ttc tgc 150

63/360

Arg Gln Lys Gln Leu Ala Ala Trp Cys Ser Leu Val Leu Ser Phe Cys

30

35

40

cgc ctg cac aaa cag tcc agc atg acg gtg atg gaa gct cag gag agc 198

5 Arg Leu His Lys Gln Ser Ser Met Thr Val Met Glu Ala Gln Glu Ser

45

50

55

ccg ctc ttc aac aac gtc aag cta cag cga aag ctt cct gtg gag tcg 246

Pro Leu Phe Asn Asn Val Lys Leu Gln Arg Lys Leu Pro Val Glu Ser

10

60

65

70

atc cag att gta tta gag gaa ctg agg aag aaa ggg aac ctc gag tgg 294

Ile Gln Ile Val Leu Glu Glu Leu Arg Lys Lys Gly Asn Leu Glu Trp

75

80

85

15

ttg gat aag agc aag tcc agc ttc ctg atc atg tgg cgg agg cca gaa 342

Leu Asp Lys Ser Lys Ser Ser Phe Leu Ile Met Trp Arg Arg Pro Glu

90

95

100

105

20 gaa tgg ggg aaa ctc atc tat cag tgg gtt tcc agg agt ggc cag aac 390

Glu Trp Gly Lys Leu Ile Tyr Gln Trp Val Ser Arg Ser Gly Gln Asn

110

115

120

aac tcc gtc ttt acc ctg tat gaa ctg act aat ggg gaa gac aca gag 438

25 Asn Ser Val Phe Thr Leu Tyr Glu Leu Thr Asn Gly Glu Asp Thr Glu

125

130

135

gat gag gag ttc cac ggg ctg gat gaa gcc act cta ctg cgg gct ctg 486

64/360

Asp Glu Glu Phe His Gly Leu Asp Glu Ala Thr Leu Leu Arg Ala Leu

140

145

150

cag gcc cta cag cag gag cac aag gcc gag atc atc act gtc agc gat 534

5 Gln Ala Leu Gln Gln Glu His Lys Ala Glu Ile Ile Thr Val Ser Asp

155

160

165

ggc cga ggc gtc aag ttc ttc tag cagggacctg tctcccttta cttcttacct 588

Gly Arg Gly Val Lys Phe Phe

10 170

175

cccacctttc cagggctttc aaaaggagac agaccctagt tccccaaag actggatctg 648

tgactccacc agactcaaaa ggactccagt cctgaaggct gggacctggg gatgggtttc 708

15

tcacacccca tatgtctgtc ccttgatag ggtgaggctg aagcaccagg gagaaaatat 768

gtgtttcttc tgcctacc tcttttccca tcttagactg tcttgagcc aggtctgtga 828

20 aacctgacac tttatatgtg ttacacatg taagtacata cacacatgcg cctgcagcac 888

atgtttctgt ctctctctcc tcccaccct ttagctgctg ttgcctccct tctcaggctg 948

gtgctggatc cttcctaggg gatgggggaa gccctggctg caggcagcct tccaggcaat 1008

25

atgaagatag gaggcccacg ggcctggcag tgagagggtg ggccccacac cgatttatga 1068

tattaaaatc tcaactccc

1087

65/360

<210> 26

<211> 176

5 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 26

Met Ala Met Ser Phe Glu Trp Pro Trp Gln Tyr Arg Phe Pro Pro Phe

10 1 5 10 15

Phe Thr Leu Gln Pro Asn Val Asp Thr Arg Gln Lys Gln Leu Ala Ala

20 25 30

15 Trp Cys Ser Leu Val Leu Ser Phe Cys Arg Leu His Lys Gln Ser Ser

35 40 45

Met Thr Val Met Glu Ala Gln Glu Ser Pro Leu Phe Asn Asn Val Lys

50 55 60

20

Leu Gln Arg Lys Leu Pro Val Glu Ser Ile Gln Ile Val Leu Glu Glu

65 70 75 80

Leu Arg Lys Lys Gly Asn Leu Glu Trp Leu Asp Lys Ser Lys Ser Ser

25 85 90 95

Phe Leu Ile Met Trp Arg Arg Pro Glu Glu Trp Gly Lys Leu Ile Tyr

100 105 110

66/360

Gln Trp Val Ser Arg Ser Gly Gln Asn Asn Ser Val Phe Thr Leu Tyr

115

120

125

5 Glu Leu Thr Asn Gly Glu Asp Thr Glu Asp Glu Glu Phe His Gly Leu

130

135

140

Asp Glu Ala Thr Leu Leu Arg Ala Leu Gln Ala Leu Gln Gln Glu His

145

150

155

160

10

Lys Ala Glu Ile Ile Thr Val Ser Asp Gly Arg Gly Val Lys Phe Phe

165

170

175

15 <210> 27

<211> 703

<212> DNA

<213> Homo sapiens

20 <220>

<221> CDS

<222> (67)..(222)

<400> 27

25 cgggcgcgag gcggccaccg tggagagcag agcgcggcgg ctggaagctg ctaagtcaga 60

gccgcg atg ttc cgg att gag ggc ctc gcg ccg aag ctg gac ccg gag 108

M t Phe Arg Ile Glu Gly Leu Ala Pro Lys Leu Asp Pro Glu

67/360

1

5

10

gag atg aaa cgg aag atg cgc gag gat gtg atc tcc tcc ata cgg aac 156

Glu Met Lys Arg Lys Met Arg Glu Asp Val Ile Ser Ser Ile Arg Asn

5

15

20

25

30

ttt ctc atc tac gtg gcc ctc ctg cga gtc act cca ttt atc tta aag 204

Phe Leu Ile Tyr Val Ala Leu Leu Arg Val Thr Pro Phe Ile Leu Lys

35

40

45

10

aaa ttg gac agc ata tga agacaggaca tcacatatga atgcacgata 252

Lys Leu Asp Ser Ile

50

15 tgaagagcct ggttacagtt togactctc tctgcaagtg aataggccca gaaagggtga 312

agagactcctt tgaatggaca taaaattctg cttgttaaga acaagtttgg ctctggtaac 372

tgaccttcaa agctaaaata taaaactatt tgggaagtat gaaacgatgt ctogtgatct 432

20

ggtgtaccct tatccctgtg acgtttggcc cctgacaata ctggtataat tgtaaataat 492

gtcaaaactcc gttttctagc aagtattaag ggagctgtgt ctgaaatggc actgtcttgt 552

25 cagtcatttc tgtttacctt tttcttctgc ccagagtgtg tttgtgaaga gtctcttata 612

ttatgttttg tggaaatcag cacacaacca caatgacatt taagcacagg atcattatta 672

68/360

gtctatgttt ttaataaaca tatcaattaa g

703

<210> 28

5 <211> 51

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 28

10 Met Phe Arg Ile Glu Gly Leu Ala Pro Lys Leu Asp Pro Glu Glu Met
1 5 10 15

Lys Arg Lys Met Arg Glu Asp Val Ile Ser Ser Ile Arg Asn Phe Leu
20 25 30

15

Ile Tyr Val Ala Leu Leu Arg Val Thr Pro Phe Ile Leu Lys Lys Leu
35 40 45

Asp Ser Ile

20 50

<210> 29

<211> 921

25 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

69/360

<221> CDS

<222> (204).. (776)

<400> 29

```

5  ctcccccggc gcggtccgcc aggccagtgc cctcagcatc tccaccccca ggtggtttga 60

    actttgagcc tttttagtgc ctgatgaata atttcatttt cctcaagttt atgacactcg 120

    gaacgtcaag aactggaggt ttgtgcaatt tgagaccggt cggcactgtg cagagatcag 180
10 agtactaaga gacagagatt aaa atg gct tcc aga gga aag aca gag aca agc 233

        Met Ala Ser Arg Gly Lys Thr Glu Thr Ser
            1             5             10

15  aaa tta aag cag aat tta gaa gaa cag ttg gat aga ctc atg caa caa  281
    Lys Leu Lys Gln Asn Leu Glu Glu Gln Leu Asp Arg Leu Met Gln Gln
            15             20             25

    tta caa gat ctg gag gaa tgc aga gag gaa ctt gat aca gat gaa tat  329
20  Leu Gln Asp Leu Glu Glu Cys Arg Glu Glu Leu Asp Thr Asp Glu Tyr
            30             35             40

    gaa gaa acc aaa aag gaa act ctg gag caa cta agt gaa ttt aat gat  377
    Glu Glu Thr Lys Lys Glu Thr Leu Glu Gln Leu Ser Glu Phe Asn Asp
25            45             50             55

    tca cta aag aaa att atg tct gga aat atg act ttg gta gat gaa cta  425
    Ser Leu Lys Lys Ii Met Ser Gly Asn Met Thr Leu Val Asp Glu Leu

```


70/360

60

65

70

agt gga atg cag ctg gct att cag gca gct atc agc cag gcc ttt aaa 473

Ser Gly Met Gln Leu Ala Ile Gln Ala Ala Ile Ser Gln Ala Phe Lys

5 75 80 85 90

acc cca gag gtc atc aga ttg ttt gca aag aaa caa cca ggt cag ctt 521

Thr Pro Glu Val Ile Arg Leu Phe Ala Lys Lys Gln Pro Gly Gln Leu

95 100 105

10

cgg aca agg tta gca gag atg gat aga gat ctg atg gta gga aag ctg 569

Arg Thr Arg Leu Ala Glu Met Asp Arg Asp Leu Met Val Gly Lys Leu

110 115 120

15 gaa aga gac ctg tac act caa cag aaa gtg gag ata cta aca gct ctt 617

Glu Arg Asp Leu Tyr Thr Gln Gln Lys Val Glu Ile Leu Thr Ala Leu

125 130 135

agg aaa ctt gga gag aag ctg act gca gat gat gag gcc ttc ttg tca 665

20 Arg Lys Leu Gly Glu Lys Leu Thr Ala Asp Asp Glu Ala Phe Leu Ser

140 145 150

gca aat gca ggt gct ata ctc agc cag ttt gag aaa gtc tct aca gac 713

Ala Asn Ala Gly Ala Ile Leu Ser Gln Phe Glu Lys Val Ser Thr Asp

25 155 160 165 170

ctt ggc tct gga gac aaa att ctt gct ctg gca agt ttt gag gtt gaa 761

Leu Gly Ser Gly Asp Lys Ile L u Ala Leu Ala Ser Phe Glu Val Glu

71/360

175

180

185

aaa aca aaa aaa tga catggtgcag aagcttgtaa cattgatcac attcttaatg 816

Lys Thr Lys Lys

5

190

taaatggtgt ctttcttctg gggttttcag ttattgcaaa gaaatgaaga gattctggaa 876

atgcatcaat aacctaagaa aaagcgacat aaaaatatac ttatg

921

10

<210> 30

<211> 190

<212> PRT

15 <213> Homo sapiens

<400> 30

Met Ala Ser Arg Gly Lys Thr Glu Thr Ser Lys Leu Lys Gln Asn Leu

1

5

10

15

20

Glu Glu Gln Leu Asp Arg Leu Met Gln Gln Leu Gln Asp Leu Glu Glu

20

25

30

Cys Arg Glu Glu Leu Asp Thr Asp Glu Tyr Glu Glu Thr Lys Lys Glu

25

35

40

45

Thr Leu Glu Gln Leu Ser Glu Phe Asn Asp Ser Leu Lys Lys Ile Met

50

55

60

72/360

Ser Gly Asn Met Thr Leu Val Asp Glu Leu Ser Gly Met Gln Leu Ala

65

70

75

80

5 Ile Gln Ala Ala Ile Ser Gln Ala Phe Lys Thr Pro Glu Val Ile Arg

85

90

95

Leu Phe Ala Lys Lys Gln Pro Gly Gln Leu Arg Thr Arg Leu Ala Glu

100

105

110

10

Met Asp Arg Asp Leu Met Val Gly Lys Leu Glu Arg Asp Leu Tyr Thr

115

120

125

Gln Gln Lys Val Glu Ile Leu Thr Ala Leu Arg Lys Leu Gly Glu Lys

15

130

135

140

Leu Thr Ala Asp Asp Glu Ala Phe Leu Ser Ala Asn Ala Gly Ala Ile

145

150

155

160

20 Leu Ser Gln Phe Glu Lys Val Ser Thr Asp Leu Gly Ser Gly Asp Lys

165

170

175

Ile Leu Ala Leu Ala Ser Phe Glu Val Glu Lys Thr Lys Lys

180

185

190

25

<210>. 31

<211> 584

73/360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

5 <221> CDS

<222> (41).. (418)

<400> 31

```

10      ttttttccgg ttccggcctg gcgagagttt gtgcggcgac atg aaa ctg ctt acc 55
                                         Met Lys Leu Leu Thr
                                         1           5

      cac aat ctg ctg agc tcg cat gtg cgg ggg gtg ggg tcc cgt ggc ttc 103
His Asn Leu Leu Ser Ser His Val Arg Gly Val Gly Ser Arg Gly Phe
15      10           15           20

      ccc ctg cgc ctc cag gcc acc gag gtc cgt atc tgc cct gtg gaa ttc 151
Pro Leu Arg Leu Gln Ala Thr Glu Val Arg Ile Cys Pro Val Glu Phe
      25           30           35

20      aac ccc aac ttc gtg gcg cgt atg ata cct aaa gtg gag tgg tcg gcg 199
Asn Pro Asn Phe Val Ala Arg Met Ile Pro Lys Val Glu Trp Ser Ala
      40           45           50

25      ttc ctg gag gcg gcc gat aac ttg cgt ctg atc cag gtg ccg aaa ggg 247
Phe Leu Glu Ala Ala Asp Asn Leu Arg Leu Ile Gln Val Pro Lys Gly
      55           60           65
```

ccg gtt gag gga tat gag gag aat gag gag ttt ctg agg acc atg cac 295

Pro Val Glu Gly Tyr Glu Glu Asn Glu Glu Phe Leu Arg Thr Met His

70

75

80

85

5 cac ctg ctg ctg gag gtg gaa gtg ata gag ggc acc ctg cag tgc ccg 343

His Leu Leu Leu Glu Val Glu Val Ile Glu Gly Thr Leu Gln Cys Pro

90

95

100

gaa tct gga cgt atg ttc ccc atc agc cgc ggg atc ccc aac atg ctg 391

10 Glu Ser Gly Arg Met Phe Pro Ile Ser Arg Gly Ile Pro Asn Met Leu

105

110

115

ctg agt gaa gag gaa act gag agt tga ttgtgccagg cgccagtttt 438

Leu Ser Glu Glu Glu Thr Glu Ser

15

120

125

tcttggtatg actgtgtatt ttgttgatc tataccctgt ttccgaattc tgccgtgtgt 498

atccccaacc cttgacccaa tgacaccâaa cacagtgttt ttgagctcgg tattatatat 558

20

ttttttctca ttaaaggttt aaaacc

584

<210> 32

25 <211> 125

<212> PRT

<213> Homo sapiens

75/360

<400> 32

Met Lys Leu Leu Thr His Asn Leu Leu Ser Ser His Val Arg Gly Val

1

5

10

15

5 Gly Ser Arg Gly Phe Pro Leu Arg Leu Gln Ala Thr Glu Val Arg Ile

20

25

30

Cys Pro Val Glu Phe Asn Pro Asn Phe Val Ala Arg Met Ile Pro Lys

35

40

45

10

Val Glu Trp Ser Ala Phe Leu Glu Ala Ala Asp Asn Leu Arg Leu Ile

50

55

60

Gln Val Pro Lys Gly Pro Val Glu Gly Tyr Glu Glu Asn Glu Glu Phe

15

65

70

75

80

Leu Arg Thr Met His His Leu Leu Leu Glu Val Glu Val Ile Glu Gly

85

90

95

20 Thr Leu Gln Cys Pro Glu Ser Gly Arg Met Phe Pro Ile Ser Arg Gly

100

105

110

Ile Pro Asn Met Leu Leu Ser Glu Glu Glu Thr Glu Ser

115

120

125

25

<210> 33

<211> 875

76/360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

5 <221> CDS

<222> (25).. (555)

<400> 33

```
ctttgcgcgg cacctggcga caaa atg gct gcc cga ggg aga cgg gcg gag    51
10                               Met Ala Ala Arg Gly Arg Arg Ala Glu
                               1               5

cct cag ggc cgg gag gct ccg ggc ccc gcg ggc ggt ggc ggt ggc ggg    99
Pro Gln Gly Arg Glu Ala Pro Gly Pro Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly
15   10               15               20               25

agc cgt tgg gct gag tcg gga tcg ggg acg tcg ccc gag agc ggg gac    147
Ser Arg Trp Ala Glu Ser Gly Ser Gly Thr Ser Pro Glu Ser Gly Asp
               30               35               40

20

gag gag gtg tcg ggc gcg ggt tcg agc ccg gtg tcg ggc ggc gtg aac    195
Glu Glu Val Ser Gly Ala Gly Ser Ser Pro Val Ser Gly Gly Val Asn
               45               50               55

25   ttg ttc gcc aac gac ggc agc ttc ctg gag ctg ttc aag cgg aag atg    243
Leu Phe Ala Asn Asp Gly Ser Phe Leu Glu Leu Phe Lys Arg Lys Met
               60               65               70
```

77/360

gag gag gag cag cgg cag cgg cag gag gag ccg ccc ccg ggt ccg cag 291
Glu Glu Glu Gln Arg Gln Arg Gln Glu Glu Pro Pro Pro Gly Pro Gln
75 80 85

5 cga ccc gac cag tcg gcc gcc gcc gct ggc ccc ggg gat ccg aag agg 339
Arg Pro Asp Gln Ser Ala Ala Ala Ala Gly Pro Gly Asp Pro Lys Arg
90 95 100 105

aag ggc ggt ccg ggc tcc aca ctt agc ttc gtg ggc aaa cgc aga ggc 387
10 Lys Gly Gly Pro Gly Ser Thr Leu Ser Phe Val Gly Lys Arg Arg Gly
110 115 120

ggg aac aaa cta gcc ctc aag acg gga ata gta gcc aag aag cag aag 435
Gly Asn Lys Leu Ala Leu Lys Thr Gly Ile Val Ala Lys Lys Gln Lys
15 125 130 135

acg gag gat gag gta tta aca agt aaa ggt gac gcg tgg gcc aag tac 483
Thr Glu Asp Glu Val Leu Thr Ser Lys Gly Asp Ala Trp Ala Lys Tyr
140 145 150

20 atg gca gaa gtg aaa aag tac aaa gct cac cag tgc ggt gac gat gat 531
Met Ala Glu Val Lys Lys Tyr Lys Ala His Gln Cys Gly Asp Asp Asp
155 160 165

25 aaa act cgg ccc ctg gtg aaa tga cgccccctccc ccacctgccc atggcctggg 585
Lys Thr Arg Pro Leu Val Lys
170 175

78/360

actctctgcg atgtacataa ctatttaatg cagcggcagc ggcgacagcc ttccctgaga 645

ggacttaaaa gcagaaggaa accgagatgc ttcccgacgc cgtggacgat tctccaggac 705

5 tcttttttta ccttgagcac ttgcctcgtg agacttcata gaacagtggg ttactgtccc 765

cccccttctca cctcctcatt ctctctggct ctttctgtct tctcttctc accctcctcc 825

ctcccottag ccataccttc tgggaagtaa agaacttgac ttagtgccgg 875

10

<210> 34

<211> 176

<212> PRT

15 <213> Homo sapiens

<400> 34

Met Ala Ala Arg Gly Arg Arg Ala Glu Pro Gln Gly Arg Glu Ala Pro

1 5 10 15

20

Gly Pro Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Arg Trp Ala Glu Ser Gly

20 25 30

Ser Gly Thr Ser Pro Glu Ser Gly Asp Glu Glu Val Ser Gly Ala Gly

25 35 40 45

Ser S r Pro Val Ser Gly Gly Val Asn Leu Phe Ala Asn Asp Gly Ser

50 55 60

79/360

Phe Leu Glu Leu Phe Lys Arg Lys Met Glu Glu Glu Gln Arg Gln Arg
65 70 75 80

5 Gln Glu Glu Pro Pro Pro Gly Pro Gln Arg Pro Asp Gln Ser Ala Ala
85 90 95

Ala Ala Gly Pro Gly Asp Pro Lys Arg Lys Gly Gly Pro Gly Ser Thr
100 105 110

10

Leu Ser Phe Val Gly Lys Arg Arg Gly Gly Asn Lys Leu Ala Leu Lys
115 120 125

Thr Gly Ile Val Ala Lys Lys Gln Lys Thr Glu Asp Glu Val Leu Thr
15 130 135 140

Ser Lys Gly Asp Ala Trp Ala Lys Tyr Met Ala Glu Val Lys Lys Tyr
145 150 155 160

20 Lys Ala His Gln Cys Gly Asp Asp Asp Lys Thr Arg Pro Leu Val Lys
165 170 175

<210> 35

25 <211> 470

<212> DNA

<213> Homo sapi ns

<220>

<221> CDS

<222> (216).. (374)

5 <400> 35

cttagtcgtg tgtacatcat tgggaatgga gggaaataaa tgactggatg gtcgctgctt 60

ttaaagtttc aaattgacat tccagacaag cgggtgcctga gcccgctgcct gtcttcagat 120

10 ottcacagca cagttcctgg gaaggtggag ccaccagcct ctccttgaat aactgggaga 180

tgaaacagga agctctatga cacacttgat cgaat atg aca gac acc gaa aat 233

Met Thr Asp Thr Glu Asn

1

5

15

cac gac tca gcc ccc tcc agc acc tct acc tgt tgc ccg ccg atc aca 281

His Asp Ser Ala Pro Ser Ser Thr Ser Thr Cys Cys Pro Pro Ile Thr

10

15

20

20 gcc gga atg cag ctg aaa gat tcc ctg ggg cct ggt tcc aac cgc cca 329

Ala Gly Met Gln Leu Lys Asp Ser Leu Gly Pro Gly Ser Asn Arg Pro

25

30

35

ctg tgg act ctg agg cct ctg cat ttg tgg gtg gtc tgc ctg tga 374

25 Leu Trp Thr Leu Arg Pro Leu His Leu Trp Val Val Cys Leu

40

45

50

tattttggtc atgggctggt ctggctcggt tcccatttgt ctggccagtc tctatgtgc 434

ttaatccctt gtccttcatt aaaagcaaaa ctaaag

470

5 <210> 36

<211> 52

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10 <400> 10

Met Thr Asp Thr Glu Asn His Asp Ser Ala Pro Ser Ser Thr Ser Thr

1

5

10

15

Cys Cys Pro Pro Ile Thr Ala Gly Met Gln Leu Lys Asp Ser Leu Gly

15

20

25

30

Pro Gly Ser Asn Arg Pro Leu Trp Thr Leu Arg Pro Leu His Leu Trp

35

40

45

20 Val Val Cys Leu

50

<210> 37

25 <211> 2920

<212> DNA

<213> Homo sapiens

82/360

<220>

<221> CDS

<222> (73).. (2652)

5 <400> 37

aggtacagcg gcggtttctg aggttcttca ctgcgcactg acggagctgc ggtggcgtct 60

ccacacgcaa cc atg aag ttg aag gac aca aaa tca agg cca aag cag tca 111

Met Lys Leu Lys Asp Thr Lys Ser Arg Pro Lys Gln Ser

10

1

5

10

agc tgt ggc aaa ttt cag aca aag gga atc aaa gtt gtg gga aaa tgg 159

Ser Cys Gly Lys Phe Gln Thr Lys Gly Ile Lys Val Val Gly Lys Trp

15

20

25

15

aag gaa gtg aag att gac cca aat atg ttt gca gat gga cag atg gat 207

Lys Glu Val Lys Ile Asp Pro Asn Met Phe Ala Asp Gly Gln Met Asp

30

35

40

45

20

gac ttg gtg tgc ttt gag gaa ttg aca gat tac cag ttg gtc tcc cct 255

Asp Leu Val Cys Phe Glu Glu Leu Thr Asp Tyr Gln Leu Val Ser Pro

50

55

60

gcc aag aat ccc tcc agt ctc ttc tca aag gaa gca ccc aag aga aag 303

25

Ala Lys Asn Pro Ser Ser Leu Phe Ser Lys Glu Ala Pro Lys Arg Lys

65

70

75

gca caa gct gtt tca gaa gaa gag gag gag gag gga aag tct agc 351

Ala Gln Ala Val Ser Glu Glu Glu Glu Glu Glu Gly Lys Ser Ser

80

85

90

tca cca aag aaa aag atc aag ttg aag aaa agt aaa aat gta gca act 399

5 Ser Pro Lys Lys Lys Ile Lys Leu Lys Lys Ser Lys Asn Val Ala Thr

95

100

105

gaa gga acc agt acc cag aaa gaa ttt gaa gtg aaa gat cct gag ctg 447

Glu Gly Thr Ser Thr Gln Lys Glu Phe Glu Val Lys Asp Pro Glu Leu

10 110

115

120

125

gag gcc cag gga gat gac atg gtt tgt gat gat ccg gag gct ggg gag 495

Glu Ala Gln Gly Asp Asp Met Val Cys Asp Asp Pro Glu Ala Gly Glu

130

135

140

15

atg aca tca gaa aac ctg gtc caa act gct cca aaa aag aag aaa aat 543

Met Thr Ser Glu Asn Leu Val Gln Thr Ala Pro Lys Lys Lys Lys Asn

145

150

155

20 aaa ggg aaa aaa ggg ttg gag cct tct cag agc act gct gcc aag gtg 591

Lys Gly Lys Lys Gly Leu Glu Pro Ser Gln Ser Thr Ala Ala Lys Val

160

165

170

ccc aaa aaa gcg aag aca tgg att cct gaa gtt cat gat cag aaa gca 639

25 Pro Lys Lys Ala Lys Thr Trp Ile Pro Glu Val His Asp Gln Lys Ala

175

180

185

gat gtg tca gct tgg aag gac ctg ttt gtt ccc agg ccg gtt ctc cga 687

84/360

Asp Val Ser Ala Trp Lys Asp Leu Phe Val Pro Arg Pro Val Leu Arg

190 195 200 205

gca ctc agc ttt cta ggc ttc tct gca ccc aca cca atc caa gcc ctg 735

5 Ala Leu Ser Phe Leu Gly Phe Ser Ala Pro Thr Pro Ile Gln Ala Leu

210 215 220

acc ttg gca cct gcc atc cgt gac aaa ctg gac atc ctt ggg gct gct 783

Thr Leu Ala Pro Ala Ile Arg Asp Lys Leu Asp Ile Leu Gly Ala Ala

10 225 230 235

gag aca gga agt ggg aaa act ctt gcc ttt gcc atc cca atg att cat 831

Glu Thr Gly Ser Gly Lys Thr Leu Ala Phe Ala Ile Pro Met Ile His

240 245 250

15

gcg gtg ttg cag tgg cag aag agg aat gct gcc cct cct cca agt aac 879

Ala Val Leu Gln Trp Gln Lys Arg Asn Ala Ala Pro Pro Pro Ser Asn

255 260 265

20 acc gaa gca cca cct gga gag acc aga act gag gcc gga gct gag act 927

Thr Glu Ala Pro Pro Gly Glu Thr Arg Thr Glu Ala Gly Ala Glu Thr

270 275 280 285

aga tca cca ggc aag gct gaa gct gag tct gat gca ttg cct gac gat 975

25 Arg Ser Pro Gly Lys Ala Glu Ala Glu Ser Asp Ala Leu Pro Asp Asp

290 295 300

act gta att gag agt gaa gca ctg ccc agt gat att gca gcc gag gcc 1023

85/360

Thr Val Ile Glu Ser Glu Ala Leu Pro Ser Asp Ile Ala Ala Glu Ala

305

310

315

aga gcc aag act gga ggc act gtc tca gac cag gcg ttg ctc ttt ggt 1071

5 Arg Ala Lys Thr Gly Gly Thr Val Ser Asp Gln Ala Leu Leu Phe Gly

320

325

330

gac gat gat gct ggt gaa ggg cct tct tcc ctg atc agg gag aaa cct 1119

Asp Asp Asp Ala Gly Glu Gly Pro Ser Ser Leu Ile Arg Glu Lys Pro

10

335

340

345

gtt ccc aaa cag aat gag aat gag gag gaa aat ctt gat aaa gag cag 1167

Val Pro Lys Gln Asn Glu Asn Glu Glu Glu Asn Leu Asp Lys Glu Gln

350

355

360

365

15

act gga aat cta aaa cag gag ttg gat gac aaa agc gcc acc tgt aag 1215

Thr Gly Asn Leu Lys Gln Glu Leu Asp Asp Lys Ser Ala Thr Cys Lys

370

375

380

20 gca tat cca aag cgt cct ctg ctt gga ctg gtt ctg act ccc act cga 1263

Ala Tyr Pro Lys Arg Pro Leu Leu Gly Leu Val Leu Thr Pro Thr Arg

385

390

395

gag ctg gcc gtc cag gtc aaa cag cac att gat gct gtg gcc agg ttt 1311

25 Glu Leu Ala Val Gln Val Lys Gln His Ile Asp Ala Val Ala Arg Phe

400

405

410

aca gga att aaa act gct att ttg gtt ggt gga atg tcc acg cag aaa 1359

Thr Gly Ile Lys Thr Ala Ile Leu Val Gly Gly Met Ser Thr Gln Lys

415

420

425

cag cag agg atg ctg aac cgt cgt cct gag att gtg gtt gct act cca 1407

5 Gln Gln Arg Met Leu Asn Arg Arg Pro Glu Ile Val Val Ala Thr Pro

430

435

440

445

ggc cgg ctg tgg gaa tta att aaa gaa aag cat tat cat ttg agg aac 1455

Gly Arg Leu Trp Glu Leu Ile Lys Glu Lys His Tyr His Leu Arg Asn

10

450

455

460

ctt cgg cag ctc agg tgc ctg gta gtg gat gag gct gac cgg atg gtt 1503

Leu Arg Gln Leu Arg Cys Leu Val Val Asp Glu Ala Asp Arg Met Val

465

470

475

15

gag aaa ggc cat ttt gct gag ctc tca cag ctg cta gag atg ctc aat 1551

Glu Lys Gly His Phe Ala Glu Leu Ser Gln Leu Leu Glu Met Leu Asn

480

485

490

20 gac tcc caa tac aac cca aag aga caa acg ctt gtt ttt tct gcc aca 1599

Asp Ser Gln Tyr Asn Pro Lys Arg Gln Thr Leu Val Phe Ser Ala Thr

495

500

505

ctc acc ctg gtg cat cag gct cct gct cga atc ctt cat aag aag cac 1647

25 Leu Thr Leu Val His Gln Ala Pro Ala Arg Ile Leu His Lys Lys His

510

515

520

525

acc aag aaa atg gat aaa aca gcc aaa ctt gac ctc ctt atg cag aaa 1695

87/360

Thr Lys Lys Met Asp Lys Thr Ala Lys Leu Asp Leu Leu Met Gln Lys

530

535

540

att ggc atg agg ggc aag ccc aag gtc att gac ctc aca agg aat gag 1743

5 Ile Gly Met Arg Gly Lys Pro Lys Val Ile Asp Leu Thr Arg Asn Glu

545

550

555

gcc acg gtg gag acg cta aca gag acc aag atc cat tgt gag act gat 1791

Ala Thr Val Glu Thr Leu Thr Glu Thr Lys Ile His Cys Glu Thr Asp

10

560

565

570

gag aaa gac ttc tac ttg tac tac ttc ctg atg cag tat cca ggc cgc 1839

Glu Lys Asp Phe Tyr Leu Tyr Tyr Phe Leu Met Gln Tyr Pro Gly Arg

575

580

585

15

agc tta gtg ttt gcc aac agt atc tcc tgc atc aaa cgc ctc tct ggg 1887

Ser Leu Val Phe Ala Asn Ser Ile Ser Cys Ile Lys Arg Leu Ser Gly

590

595

600

605

20

ctc ctc aaa gtc ctt gat atc atg ccc ttg acc ctg cat gcc tgt atg 1935

Leu Leu Lys Val Leu Asp Ile Met Pro Leu Thr Leu His Ala Cys Met

610

615

620

cac cag aag cag agg ctc aga aac ctg gag cag ttt gcc cgt ctg gaa 1983

25 His Gln Lys Gln Arg Leu Arg Asn Leu Glu Gln Phe Ala Arg Leu Glu

625

630

635

gac tgt gtt ctc ttg gca aca gat gtg gca gct cgg ggt ctg gat att 2031

88/360

Asp Cys Val Leu Leu Ala Thr Asp Val Ala Ala Arg Gly Leu Asp Ile

640

645

650

cct aaa gtc cag cat gtc atc cat tac cag gtc cca cgt acc tcg gag 2079

5 Pro Lys Val Gln His Val Ile His Tyr Gln Val Pro Arg Thr Ser Glu

655

660

665

att tat gtc cac cga agt ggt cga act gct cga gct acc aat gaa ggc 2127

Ile Tyr Val His Arg Ser Gly Arg Thr Ala Arg Ala Thr Asn Glu Gly

10 670

675

680

685

ctc agt ctg atg ctc att ggg cct gag gat gtg atc aac ttt aag aag 2175

Leu Ser Leu Met Leu Ile Gly Pro Glu Asp Val Ile Asn Phe Lys Lys

690

695

700

15

att tac aaa acg ctc aag aaa gat gag gat atc cca ctg ttc ccc gtg 2223

Ile Tyr Lys Thr Leu Lys Lys Asp Glu Asp Ile Pro Leu Phe Pro Val

705

710

715

20 cag aca aaa tac atg gat gtg gtc aag gag cga atc cgt tta gct cga 2271

Gln Thr Lys Tyr Met Asp Val Val Lys Glu Arg Ile Arg Leu Ala Arg

720

725

730

cag att gag aaa tct gag tat cgg aac ttc cag gct tgc ctg cac aac 2319

25 Gln Ile Glu Lys Ser Glu Tyr Arg Asn Phe Gln Ala Cys Leu His Asn

735

740

745

tct tgg att gag cag gca gca gct gcc ctg gag att gag ctg gaa gaa 2367

89/360

Ser Trp Ile Glu Gln Ala Ala Ala Ala Leu Glu Ile Glu Leu Glu Glu

750

755

760

765

gac atg tat aag gga gga aaa gct gac cag caa gaa gaa cgt cgg aga 2415

5 Asp Met Tyr Lys Gly Gly Lys Ala Asp Gln Gln Glu Glu Arg Arg Arg

770

775

780

caa aag cag atg aag gtt ctg aag aag gag ctg cgc cac ctg ctg tcc 2463

Gln Lys Gln Met Lys Val Leu Lys Lys Glu Leu Arg His Leu Leu Ser

10

785

790

795

cag cca ctg ttt acg gag agc cag aaa acc aag tat ccc act cag tct 2511

Gln Pro Leu Phe Thr Glu Ser Gln Lys Thr Lys Tyr Pro Thr Gln Ser

800

805

810

15

ggc aag ccg ccc ctg ctt gtg tct gcc cca agt aag agc gag tct gct 2559

Gly Lys Pro Pro Leu Leu Val Ser Ala Pro Ser Lys Ser Glu Ser Ala

815

820

825

20 ttg agc tgt ctc tcc aag cag aag aag aag aag aca aag aag ccg aag 2607

Leu Ser Cys Leu Ser Lys Gln Lys Lys Lys Lys Thr Lys Lys Pro Lys

830

835

840

845

gag cca cag ccg gaa cag cca cag cca agt aca agt gca aat taa 2652

25 Glu Pro Gln Pro Glu Gln Pro Gln Pro Ser Thr Ser Ala Asn

850

855

860

ctggtcaagt gtgtcagtga ctgcacattg gtttctgttc tctggctatt tgcaaacct 2712

90/360

ctccaccct tgtgtttcac tocaccacca accccaggta aaaaagtctc cctctcttcc 2772

actcacacc atagcgggag agacctcatg cagatttgca ttgttttgga gtaagaattc 2832

5

aatgcagcag ctttaatttt ctgtattgca gtgtttatag gcttcttggtg tgtaaactt 2892

gatttcataa attaaaaaca atggtcag 2920

10

<210> 38

<211> 859

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15

<400> 38

Met Lys Leu Lys Asp Thr Lys Ser Arg Pro Lys Gln Ser Ser Cys Gly

1 5 10 15

Lys Phe Gln Thr Lys Gly Ile Lys Val Val Gly Lys Trp Lys Glu Val

20 25 30

Lys Ile Asp Pro Asn Met Phe Ala Asp Gly Gln Met Asp Asp Leu Val

35 40 45

Cys Phe Glu Glu Leu Thr Asp Tyr Gln Leu Val Ser Pro Ala Lys Asn

50 55 60

25 Pro Ser Ser Leu Phe Ser Lys Glu Ala Pro Lys Arg Lys Ala Gln Ala

65 70 75 80

Val Ser Glu Glu Glu Glu Glu Glu Gly Lys Ser Ser Ser Pro Lys

85 90 95

Lys Lys Ile Lys Leu Lys Lys Ser Lys Asn Val Ala Thr Glu Gly Thr
 100 105 110
 Ser Thr Gln Lys Glu Phe Glu Val Lys Asp Pro Glu Leu Glu Ala Gln
 115 120 125
 5 Gly Asp Asp Met Val Cys Asp Asp Pro Glu Ala Gly Glu Met Thr Ser
 130 135 140
 Glu Asn Leu Val Gln Thr Ala Pro Lys Lys Lys Lys Asn Lys Gly Lys
 145 150 155 160
 Lys Gly Leu Glu Pro Ser Gln Ser Thr Ala Ala Lys Val Pro Lys Lys
 10 165 170 175
 Ala Lys Thr Trp Ile Pro Glu Val His Asp Gln Lys Ala Asp Val Ser
 180 185 190
 Ala Trp Lys Asp Leu Phe Val Pro Arg Pro Val Leu Arg Ala Leu Ser
 195 200 205
 15 Phe Leu Gly Phe Ser Ala Pro Thr Pro Ile Gln Ala Leu Thr Leu Ala
 210 215 220
 Pro Ala Ile Arg Asp Lys Leu Asp Ile Leu Gly Ala Ala Glu Thr Gly
 225 230 235 240
 Ser Gly Lys Thr Leu Ala Phe Ala Ile Pro Met Ile His Ala Val Leu
 20 245 250 255
 Gln Trp Gln Lys Arg Asn Ala Ala Pro Pro Pro Ser Asn Thr Glu Ala
 260 265 270
 Pro Pro Gly Glu Thr Arg Thr Glu Ala Gly Ala Glu Thr Arg Ser Pro
 275 280 285
 25 Gly Lys Ala Glu Ala Glu Ser Asp Ala Leu Pro Asp Asp Thr Val Ile
 290 295 300
 Glu Ser Glu Ala Leu Pro Ser Asp Ile Ala Ala Glu Ala Arg Ala Lys
 305 310 315 320

Thr Gly Gly Thr Val Ser Asp Gln Ala Leu Leu Phe Gly Asp Asp Asp
 325 330 335
 Ala Gly Glu Gly Pro Ser Ser Leu Ile Arg Glu Lys Pro Val Pro Lys
 340 345 350
 5 Gln Asn Glu Asn Glu Glu Glu Asn Leu Asp Lys Glu Gln Thr Gly Asn
 355 360 365
 Leu Lys Gln Glu Leu Asp Asp Lys Ser Ala Thr Cys Lys Ala Tyr Pro
 370 375 380
 Lys Arg Pro Leu Leu Gly Leu Val Leu Thr Pro Thr Arg Glu Leu Ala
 10 385 390 395 400
 Val Gln Val Lys Gln His Ile Asp Ala Val Ala Arg Phe Thr Gly Ile
 405 410 415
 Lys Thr Ala Ile Leu Val Gly Gly Met Ser Thr Gln Lys Gln Gln Arg
 420 425 430
 15 Met Leu Asn Arg Arg Pro Glu Ile Val Val Ala Thr Pro Gly Arg Leu
 435 440 445
 Trp Glu Leu Ile Lys Glu Lys His Tyr His Leu Arg Asn Leu Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Cys Leu Val Val Asp Glu Ala Asp Arg Met Val Glu Lys Gly
 20 465 470 475 480
 His Phe Ala Glu Leu Ser Gln Leu Leu Glu Met Leu Asn Asp Ser Gln
 485 490 495
 Tyr Asn Pro Lys Arg Gln Thr Leu Val Phe Ser Ala Thr Leu Thr Leu
 500 505 510
 25 Val His Gln Ala Pro Ala Arg Ile Leu His Lys Lys His Thr Lys Lys
 515 520 525
 Met Asp Lys Thr Ala Lys Leu Asp Leu Leu Met Gln Lys Ile Gly Met
 530 535 540

93/360

Arg Gly Lys Pro Lys Val Ile Asp Leu Thr Arg Asn Glu Ala Thr Val
 545 550 555 560
 Glu Thr Leu Thr Glu Thr Lys Ile His Cys Glu Thr Asp Glu Lys Asp
 565 570 575
 5 Phe Tyr Leu Tyr Tyr Phe Leu Met Gln Tyr Pro Gly Arg Ser Leu Val
 580 585 590
 Phe Ala Asn Ser Ile Ser Cys Ile Lys Arg Leu Ser Gly Leu Leu Lys
 595 600 605
 Val Leu Asp Ile Met Pro Leu Thr Leu His Ala Cys Met His Gln Lys
 10 610 615 620
 Gln Arg Leu Arg Asn Leu Glu Gln Phe Ala Arg Leu Glu Asp Cys Val
 625 630 635 640
 Leu Leu Ala Thr Asp Val Ala Ala Arg Gly Leu Asp Ile Pro Lys Val
 645 650 655
 15 Gln His Val Ile His Tyr Gln Val Pro Arg Thr Ser Glu Ile Tyr Val
 660 665 670
 His Arg Ser Gly Arg Thr Ala Arg Ala Thr Asn Glu Gly Leu Ser Leu
 675 680 685
 Met Leu Ile Gly Pro Glu Asp Val Ile Asn Phe Lys Lys Ile Tyr Lys
 20 690 695 700
 Thr Leu Lys Lys Asp Glu Asp Ile Pro Leu Phe Pro Val Gln Thr Lys
 705 710 715 720
 Tyr Met Asp Val Val Lys Glu Arg Ile Arg Leu Ala Arg Gln Ile Glu
 725 730 735
 25 Lys Ser Glu Tyr Arg Asn Phe Gln Ala Cys Leu His Asn Ser Trp Ile
 740 745 750
 Glu Gln Ala Ala Ala Ala Leu Glu Ile Glu Leu Glu Glu Asp Met Tyr
 755 760 765

Lys Gly Gly Lys Ala Asp Gln Gln Glu Glu Arg Arg Arg Gln Lys Gln

770

775

780

Met Lys Val Leu Lys Lys Glu Leu Arg His Leu Leu Ser Gln Pro Leu

785

790

795

800

5 Phe Thr Glu Ser Gln Lys Thr Lys Tyr Pro Thr Gln Ser Gly Lys Pro

805

810

815

Pro Leu Leu Val Ser Ala Pro Ser Lys Ser Glu Ser Ala Leu Ser Cys

820

825

830

Leu Ser Lys Gln Lys Lys Lys Lys Thr Lys Lys Pro Lys Glu Pro Gln

10

835

840

845

Pro Glu Gln Pro Gln Pro Ser Thr Ser Ala Asn

850

855

15 <210> 39

<211> 1502

<212> DNA

<213> Homo sapiens

20 <220>

<221> CDS

<222> (15).. (998)

<400> 39

25 actcgactac caag atg gcg gcc ccc ggg agc tgt gct cta tgg agc tat 50

Met Ala Ala Pro Gly Ser Cys Ala Leu Trp Ser Tyr

1

5

10

tgc ggc cgt ggg tgg tgc cgg gcg atg cgg ggc tgc cag ctc ctc ggg 98

Cys Gly Arg Gly Trp Ser Arg Ala Met Arg Gly Cys Gln Leu Leu Gly

15

20

25

5 ctt cgt agc tct tgg ccc ggg gac cta cta agt gct cgg ctc ttg tcc 146

Leu Arg Ser Ser Trp Pro Gly Asp Leu Leu Ser Ala Arg Leu Leu Ser

30

35

40

caa gag aag cgg gca gcg gaa acg cac ttt ggg ttt gag act gtg tgc 194

10 Gln Glu Lys Arg Ala Ala Glu Thr His Phe Gly Phe Glu Thr Val Ser

45

50

55

60

gaa gag gag aag ggg ggc aaa gtc tat cag gtg ttt gaa agt gtg gct 242

Glu Glu Glu Lys Gly Gly Lys Val Tyr Gln Val Phe Glu Ser Val Ala

15

65

70

75

aag aag tat gat gtg atg aat gat atg atg agt ctt ggt atc cat cgt 290

Lys Lys Tyr Asp Val Met Asn Asp Met Met Ser Leu Gly Ile His Arg

80

85

90

20

gtt tgg aag gat ttg ctg ctc tgg aag atg cac ccg ctt cct ggg acc 338

Val Trp Lys Asp Leu Leu Leu Trp Lys Met His Pro Leu Pro Gly Thr

95

100

105

25 cag ctg ctt gat gtt gct gga ggc aca ggt gac att gca ttc cgg ttc 386

Gln Leu Leu Asp Val Ala Gly Gly Thr Gly Asp Ile Ala Phe Arg Phe

110

115

120

ctt aat tat gtt cag tcc cag cat cag aga aaa cag aag agg cag tta 434
 Leu Asn Tyr Val Gln Ser Gln His Gln Arg Lys Gln Lys Arg Gln Leu
 125 130 135 140

5 agg gcc caa caa aat tta tcc tgg gaa gaa att gcc aaa gag tac cag 482
 Arg Ala Gln Gln Asn Leu Ser Trp Glu Glu Ile Ala Lys Glu Tyr Gln
 145 150 155

aat gaa gaa gat tcc ttg ggc ggg tct cgt gtc gtg gtg tgt gac atc 530
 10 Asn Glu Glu Asp Ser Leu Gly Gly Ser Arg Val Val Val Cys Asp Ile
 160 165 170

aac aag gag atg cta aag gtt gga aag cag aaa gcc ttg gct caa gga 578
 Asn Lys Glu Met Leu Lys Val Gly Lys Gln Lys Ala Leu Ala Gln Gly
 15 175 180 185

tac aga gct gga ctt gca tgg gta tta gga gat gct gaa gaa ctg ccc 626
 Tyr Arg Ala Gly Leu Ala Trp Val Leu Gly Asp Ala Glu Glu Leu Pro
 190 195 200

20 ttt gat gat gac aag ttt gat att tac acc att gcc ttt ggg atc cgg 674
 Phe Asp Asp Asp Lys Phe Asp Ile Tyr Thr Ile Ala Phe Gly Ile Arg
 205 210 215 220

25 aat gtc aca cac att gat cag gca ctc cag gaa gct cat cgg gtg ctg 722
 Asn Val Thr His Ile Asp Gln Ala Leu Gln Glu Ala His Arg Val Leu
 225 230 235

aaa cca gga gga cgg ttt ctc tgt ctg gaa ttt agc caa gtg aac aat 770

Lys Pro Gly Gly Arg Phe Leu Cys Leu Glu Phe Ser Gln Val Asn Asn

240

245

250

5 ccc ctc ata tcc agg ctt tat gat cta tat agc ttc cag gtc atc cct 818

Pro Leu Ile Ser Arg Leu Tyr Asp Leu Tyr Ser Phe Gln Val Ile Pro

255

260

265

gtc ctg gga gag gtc atc gct gga gac tgg aag tcc tat cag tac ctt 866

10 Val Leu Gly Glu Val Ile Ala Gly Asp Trp Lys Ser Tyr Gln Tyr Leu

270

275

280

gta gag agt atc cga agg ttt ccg tct cag gaa gag ttc aag gac atg 914

Val Glu Ser Ile Arg Arg Phe Pro Ser Gln Glu Glu Phe Lys Asp Met

15 285

290

295

300

ata gaa gat gca ggc ttt cac aag gtg act tac gaa agt cta aca tca 962

Ile Glu Asp Ala Gly Phe His Lys Val Thr Tyr Glu Ser Leu Thr Ser

305

310

315

20

ggc att gtg gcc att cat tct ggc ttc aaa ctt taa ttcctttcct 1008

Gly Ile Val Ala Ile His Ser Gly Phe Lys Leu

320

325

25 atcatggagc atgaaccagt catatcctgt tgaaagcctg gaactgaagg ataatctggc 1068

aaatgagaca gcagcagagc atctcctctt aaggatacgt gccttggaact catgtttgaa 1128

tcgaacagtc tcaaagtgga agaacaaatt cttgtcactt ttttacagct ttctttggag 1188

ctgcttcagt ccatctccca gaggcatttg gtctgtatct ttgtcaact gctaatttct 1248

5 cttggctgta ggggtgtgtgg ttaaggtaca accacccta aagctcagtt ttgaagtgag 1308

tgtatttata gcttctctgc tggctgtgcc ttctagaggg atgatagatc atttgaaccc 1368

aatgacaatt ttaaccaga aaatttaatt gtacctgaat caacctttca gcctaggacg 1428

10

aagtctaggc ccaagtcaga gtattaatga tcatgagaat tgtgtgctga accagtaaac 1488

gagtttacct ttg

1502

15

<210> 40

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

20

<400> 40

Met Ala Ala Pro Gly Ser Cys Ala Leu Trp Ser Tyr Cys Gly Arg Gly

1

5

10

15

Trp Ser Arg Ala Met Arg Gly Cys Gln Leu Leu Gly Leu Arg Ser Ser

25

20

25

30

Trp Pro Gly Asp Leu Leu Ser Ala Arg Leu Leu Ser Gln Glu Lys Arg

35

40

45

Ala Ala Glu Thr His Phe Gly Phe Glu Thr Val Ser Glu Glu Glu Lys

99/360

50 55 60
 Gly Gly Lys Val Tyr Gln Val Phe Glu Ser Val Ala Lys Lys Tyr Asp
 65 70 75 80
 Val Met Asn Asp Met Met Ser Leu Gly Ile His Arg Val Trp Lys Asp
 5 85 90 95
 Leu Leu Leu Trp Lys Met His Pro Leu Pro Gly Thr Gln Leu Leu Asp
 100 105 110
 Val Ala Gly Gly Thr Gly Asp Ile Ala Phe Arg Phe Leu Asn Tyr Val
 115 120 125
 10 Gln Ser Gln His Gln Arg Lys Gln Lys Arg Gln Leu Arg Ala Gln Gln
 130 135 140
 Asn Leu Ser Trp Glu Glu Ile Ala Lys Glu Tyr Gln Asn Glu Glu Asp
 145 150 155 160
 Ser Leu Gly Gly Ser Arg Val Val Val Cys Asp Ile Asn Lys Glu Met
 15 165 170 175
 Leu Lys Val Gly Lys Gln Lys Ala Leu Ala Gln Gly Tyr Arg Ala Gly
 180 185 190
 Leu Ala Trp Val Leu Gly Asp Ala Glu Glu Leu Pro Phe Asp Asp Asp
 195 200 205
 20 Lys Phe Asp Ile Tyr Thr Ile Ala Phe Gly Ile Arg Asn Val Thr His
 210 215 220
 Ile Asp Gln Ala Leu Gln Glu Ala His Arg Val Leu Lys Pro Gly Gly
 225 230 235 240
 Arg Phe Leu Cys Leu Glu Phe Ser Gln Val Asn Asn Pro Leu Ile Ser
 25 245 250 255
 Arg Leu Tyr Asp Leu Tyr Ser Phe Gln Val Ile Pro Val Leu Gly Glu
 260 265 270
 Val Ile Ala Gly Asp Trp Lys Ser Tyr Gln Tyr Leu Val Glu Ser Ile

100/360

	275	280	285	
	Arg Arg Phe Pro Ser Gln Glu Glu Phe Lys Asp Met Ile Glu Asp Ala			
	290	295	300	
	Gly Phe His Lys Val Thr Tyr Glu Ser Leu Thr Ser Gly Ile Val Ala			
5	305	310	315	320
	Ile His Ser Gly Phe Lys Leu			
	325			

10 <210> 41
 <211> 737
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

15 <220>
 <221> CDS
 <222> (127)..(387)

<400> 41

20 aaaaattctt cttcgacggc gcggacctgg agcttcgcg cggtggcttc actctcctgt 60

aaaacgctag agcggcgagt tgttacctgc gtcctctgac ctgagagcga aggggaaagc 120

ggcgag atg act gac cgc tac acc atc cat agc cag ctg gag cac ctg 168

25 Met Thr Asp Arg Tyr Thr Ile His Ser Gln Leu Glu His Leu

1 5 10

cag tcc aag tac atc ggc acg ggc cac gcc gac acc acc aag tgg gag 216

Gln Ser Lys Tyr Ile Gly Thr Gly His Ala Asp Thr Thr Lys Trp Glu

15 20 25 30

tgg ctg gtg aac caa cac cgc gac tcg tac tgc tcc tac atg ggc cac 264

5 Trp Leu Val Asn Gln His Arg Asp Ser Tyr Cys Ser Tyr Met Gly His

35 40 45

ttc gac ctt ctc aac tac ttc gcc att gcg gag aat gag agc aaa gcg 312

Phe Asp Leu Leu Asn Tyr Phe Ala Ile Ala Glu Asn Glu Ser Lys Ala

10 50 55 60

cga gtc cgc ttc aac ttg atg gaa aag atg ctt cag cct tgt gga ccg 360

Arg Val Arg Phe Asn Leu Met Glu Lys Met Leu Gln Pro Cys Gly Pro

65 70 75

15

cca gcc gac aag ccc gag gag aac tga gactctgcct taccacctca 407

Pro Ala Asp Lys Pro Glu Glu Asn

80 85

20 gtgcggggca cctctcccag cgtttctccg gtttgccaat cctcttaagt attcctgtot 467

ccaaaggacc ggctctccat ggctcctgcg cctcgtgctt tccgcgtaca gaagtgcttg 527

cccggggagt ccgcctgac ctgccttcat gtggaccctt agaacagcac tgggagacca 587

25

gcaggactcc tgagaactgt gctgggtggag aggtcctaga gccggcgagc gtttgagaag 647

agggcatggc gctggagtga gatgggattt ggctgtctcg ttttggttaa ttgattgtca 707

ttggcttttt ccataaagtt tagaaatcgt

737

5 <210> 42

<211> 86

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10 <400> 42

Met Thr Asp Arg Tyr Thr Ile His Ser Gln Leu Glu His Leu Gln Ser

1

5

10

15

Lys Tyr Ile Gly Thr Gly His Ala Asp Thr Thr Lys Trp Glu Trp Leu

20

25

30

15 Val Asn Gln His Arg Asp Ser Tyr Cys Ser Tyr Met Gly His Phe Asp

35

40

45

Leu Leu Asn Tyr Phe Ala Ile Ala Glu Asn Glu Ser Lys Ala Arg Val

50

55

60

Arg Phe Asn Leu Met Glu Lys Met Leu Gln Pro Cys Gly Pro Pro Ala

20 65

70

75

80

Asp Lys Pro Glu Glu Asn

85

25 <210> 43

<211> 903

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (85).. (621)

5

<400> 43

ctgaggcccc acagcctccc aattccgggc agaccctga cacctgctgt ctggcccctt 60

ccggcctgaa gctgcagccg cgcc atg tcc acc cct ccg ttg gcc gcg tog 111

10

Met Ser Thr Pro Pro Leu Ala Ala Ser

1

5

ggg atg gcg ccc ggg ccc ttc gcc ggg ccc cag gct cag cag gcc gcc 159

Gly Met Ala Pro Gly Pro Phe Ala Gly Pro Gln Ala Gln Gln Ala Ala

15

10

15

20

25

cgg gaa gtc aac acg gcg tog ctg tgc cgc atc ggg cag gag aca gtg 207

Arg Glu Val Asn Thr Ala Ser Leu Cys Arg Ile Gly Gln Glu Thr Val

30

35

40

20

cag gac atc gtg tac cgc acc atg gag atc ttc cag ctc ctg agg aac 255

Gln Asp Ile Val Tyr Arg Thr Met Glu Ile Phe Gln Leu Leu Arg Asn

45

50

55

25

atg cag ctg cca aat ggt gtc act tac cac act gga aca tat caa gac 303

Met Gln Leu Pro Asn Gly Val Thr Tyr His Thr Gly Thr Tyr Gln Asp

60

65

70

cgg tta aca aag cta cag gat aat ctt cgc caa ctt tca gtt ctc ttc 351
Arg Leu Thr Lys Leu Gln Asp Asn Leu Arg Gln Leu Ser Val Leu Phe
75 80 85

5 agg aag ctg aga ttg gta tat gac aaa tgc aat gaa aac tgt ggt ggg 399
Arg Lys Leu Arg Leu Val Tyr Asp Lys Cys Asn Glu Asn Cys Gly Gly
90 95 100 105

atg gat ccc att cca gtc gag caa ctt att cca tat gtg gaa gaa gat 447
10 Met Asp Pro Ile Pro Val Glu Gln Leu Ile Pro Tyr Val Glu Glu Asp
110 115 120

ggc tca aag aat gat gat cgg gct ggc cca cct cgt ttt gct agt gaa 495
Gly Ser Lys Asn Asp Asp Arg Ala Gly Pro Pro Arg Phe Ala Ser Glu
15 125 130 135

gag agg cga gaa att gct gaa gta aat aaa aaa ctc aaa cag aag aat 543
Glu Arg Arg Glu Ile Ala Glu Val Asn Lys Lys Leu Lys Gln Lys Asn
140 145 150

20 caa cag ctg aaa caa att atg gat caa tta oga aat ctc atc tgg gat 591
Gln Gln Leu Lys Gln Ile Met Asp Gln Leu Arg Asn Leu Ile Trp Asp
155 160 165

25 ata aat gcc atg ttg gca atg agg aac taa gctgatattt aaatttcctg 641
Ile Asn Ala Met Leu Ala Met Arg Asn
170 175

ctttacacat gttataccat tgttttttcc ctcaagtatt ttttcctgt gaagaagatt 701

atttatctgc ttttatTTta gtcactaaaa ctaaagtttt tatttttaca ttgtgatttt 761

5 tacattaaaa tattaacttt ttttaatgct attttatgaa agattattgt aataaacttt 821

gatgggggtt gtatttttgt taatcttcat gaattgaata attgtttttt taaagcaaaa 881

taaagttttt taaataaatg tt 903

10

<210> 44

<211> 178

<212> PRT

15 <213> Homo sapiens

<400> 44

Met Ser Thr Pro Pro Leu Ala Ala Ser Gly Met Ala Pro Gly Pro Phe

1 5 10 15

20 Ala Gly Pro Gln Ala Gln Gln Ala Ala Arg Glu Val Asn Thr Ala Ser

20 25 30

Leu Cys Arg Ile Gly Gln Glu Thr Val Gln Asp Ile Val Tyr Arg Thr

35 40 45

Met Glu Ile Phe Gln Leu Leu Arg Asn Met Gln Leu Pro Asn Gly Val

25 50 55 60

Thr Tyr His Thr Gly Thr Tyr Gln Asp Arg Leu Thr Lys Leu Gln Asp

65 70 75 80

Asn Leu Arg Gln Leu Ser Val Leu Phe Arg Lys Leu Arg Leu Val Tyr

85 90 95
 Asp Lys Cys Asn Glu Asn Cys Gly Gly Met Asp Pro Ile Pro Val Glu
 100 105 110
 Gln Leu Ile Pro Tyr Val Glu Glu Asp Gly Ser Lys Asn Asp Asp Arg
 5 115 120 125
 Ala Gly Pro Pro Arg Phe Ala Ser Glu Glu Arg Arg Glu Ile Ala Glu
 130 135 140
 Val Asn Lys Lys Leu Lys Gln Lys Asn Gln Gln Leu Lys Gln Ile Met
 145 150 155 160
 10 Asp Gln Leu Arg Asn Leu Ile Trp Asp Ile Asn Ala Met Leu Ala Met
 165 170 175
 Arg Asn

15 <210> 45
 <211> 1170
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

20 <220>
 <221> CDS
 <222> (187).. (540)

<400> 45

25 tatagtccag ggcctgtttc cctgtagcag ctccttattg ctggagaagg agaaaagtgc 60

ccaagatcct ttcaggatat ttggtttttt gggcgcgaca caaatcgagg tgagggaaga 120

107/360

gagaggaaaa tcccctgaat ccctgcagga ttaattttatt caaaaaggaa ataaaaaata 180

ctcaat atg caa aag tct tgt gaa gaa aat gag gga aaa cca cag aac 228

Met Gln Lys Ser Cys Glu Glu Asn Glu Gly Lys Pro Gln Asn

5 1 5 10

atg cca aag gcc gag gaa gat cgc cct ttg gag gat gta cca cag gag 276

Met Pro Lys Ala Glu Glu Asp Arg Pro Leu Glu Asp Val Pro Gln Glu

15 20 25 30

10

gca gaa gga aat cct caa cct tcc gaa gaa ggc gta agc cag gaa gca 324

Ala Glu Gly Asn Pro Gln Pro Ser Glu Glu Gly Val Ser Gln Glu Ala

35 40 45

15 gaa gga aac ccc aga gga ggg ccg aat cag cct ggc cag gga ttt aaa 372

Glu Gly Asn Pro Arg Gly Gly Pro Asn Gln Pro Gly Gln Gly Phe Lys

50 55 60

gag gac aca ccc gtt agg cat ttg gac cct gaa gaa atg ata aga gga 420

20 Glu Asp Thr Pro Val Arg His Leu Asp Pro Glu Glu Met Ile Arg Gly

65 70 75

gta gat gag ctt gaa agg ctt agg gaa gag ata aga aga gta aga aac 468

Val Asp Glu Leu Glu Arg Leu Arg Glu Glu Ile Arg Arg Val Arg Asn

25 80 85 90

aag ttt gtg atg atg cat tgg aag caa aga cat tca cgc agc cgt cct 516

Lys Ph Val M t Met His Trp Lys Gln Arg His Ser Arg S r Arg Pro

108/360

95

100

105

110

tat cct gtg tgc ttt agg cct tga attcattttt gcctaataatt aaaatctggc 570

Tyr Pro Val Cys Phe Arg Pro

5

115

cccagctttc tttctgttag cattttctga tgtatctttg acctccattt tacttttaat 630

catctgatga aattttgttt taggtaattt ccttggtacc agcatctcat tggattttgg 690

10

attttgacc c attttccagg tctatttttc aattggaaac tticacacat ttgcatggga 750

atatgttcat tccatgttgt aaagtaaaac ataacagggt atggcaaagc agcatattta 810

15

atatcagctc acatatgtag gataaaattc caaactttgt gtgtgtgcgt gtgtgtatac 870

atacatccat ataacatata tcacaaactt aaccaagctt atttctgtgt ggtgtgaaat 930

tttatttggt ttcttctttt tgttcttttt gcttatatgt actttttaat gaacacgtgt 990

20

ctcacacaca aaaagaatta aggatttttt ttacaagtaa gagtcaaata atttgcaacc 1050

agcttatgag ggcaatgggg gcacctaaac tcttgatgaa agaactttaa aaagaaatgt 1110

25

aaacctcaaa ttacctctgg atctcttagc cagaggaata aactggcaat tattacagat 1170

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

5 <400> 46

Met Gln Lys Ser Cys Glu Glu Asn Glu Gly Lys Pro Gln Asn Met Pro

1 5 10 15

Lys Ala Glu Glu Asp Arg Pro Leu Glu Asp Val Pro Gln Glu Ala Glu

20 25 30

10 Gly Asn Pro Gln Pro Ser Glu Glu Gly Val Ser Gln Glu Ala Glu Gly

35 40 45

Asn Pro Arg Gly Gly Pro Asn Gln Pro Gly Gln Gly Phe Lys Glu Asp

50 55 60

Thr Pro Val Arg His Leu Asp Pro Glu Glu Met Ile Arg Gly Val Asp

15 65 70 75 80

Glu Leu Glu Arg Leu Arg Glu Glu Ile Arg Arg Val Arg Asn Lys Phe

85 90 95

Val Met Met His Trp Lys Gln Arg His Ser Arg Ser Arg Pro Tyr Pro

100 105 110

20 Val Cys Phe Arg Pro

115

<210> 47

25 <211> 404

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (105).. (365)

5 <400> 47

ttttccagc ggaagtggct cctgtaaggc agcaaggtag cgtggccggc gcccagagctg 60

gggttggtgc cctgctgggc tgccgttcca gctggactgc cgcc atg gaa ctc agc 116

Met Glu Leu Ser

10

1

gcc gaa tac ctc cgc gag aag ctg cag cgg gac ctg gag gcg gag cat 164

Ala Glu Tyr Leu Arg Glu Lys Leu Gln Arg Asp Leu Glu Ala Glu His

5

10

15

20

15

gtg gag gtg gag gac acg acc ctc aac cgt tgc tcc tgt agc ttc cga 212

Val Glu Val Glu Asp Thr Thr Leu Asn Arg Cys Ser Cys Ser Phe Arg

25

30

35

20

gtc ctg gtg gtg tcg gcc aag ttc gag ggg aaa ccg ctg ctt cag aga 260

Val Leu Val Val Ser Ala Lys Phe Glu Gly Lys Pro Leu Leu Gln Arg

40

45

50

cac agg ctg gtg aac gcg tgc cta gca gaa gag ctc ccg cac atc cat 308

25

His Arg Leu Val Asn Ala Cys Leu Ala Glu Glu Leu Pro His Ile His

55

60

65

gcc ttt gaa cag aaa acc ctg acc cca gac cag tgg gca cgt gag cga 356

111/360

Ala Phe Glu Gln Lys Thr Leu Thr Pro Asp Gln Trp Ala Arg Glu Arg

70

75

80

cag aaa tga gggactggga totgcacagc cattaaatta taaatctgg

404

5 Gln Lys

85

<210> 48

10 <211> 86

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 12

15 Met Glu Leu Ser Ala Glu Tyr Leu Arg Glu Lys Leu Gln Arg Asp Leu

1

5

10

15

Glu Ala Glu His Val Glu Val Glu Asp Thr Thr Leu Asn Arg Cys Ser

20

25

30

Cys Ser Phe Arg Val Leu Val Val Ser Ala Lys Phe Glu Gly Lys Pro

20

35

40

45

Leu Leu Gln Arg His Arg Leu Val Asn Ala Cys Leu Ala Glu Glu Leu

50

55

60

Pro His Ile His Ala Phe Glu Gln Lys Thr Leu Thr Pro Asp Gln Trp

65

70

75

80

25 Ala Arg Glu Arg Gln Lys

85

<210> 49

<211> 752

<212> DNA

<213> Homo sapiens

5

<220>

<221> CDS

<222> (95).. (634)

10 <400> 49

ttttcgcttc cggctgccgc aggcgcttcg ctggtgcaga cgcagtgcg agcacacagc 60

taccggacaa agagtgcgc ccggagctgg agtt atg gcg gct acg gag ccg atc 115

Met Ala Ala Thr Glu Pro Ile

15

1

5

ttg gcg gcc act ggg agt ccc gcg gcg gtg cca ccg gag aaa ctg gaa 163

Leu Ala Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ala Val Pro Pro Glu Lys Leu Glu

10

15

20

20

gga gcc ggt tcg agc tca gcc cct gag cgt aac tgt gtg ggc tcc tcg 211

Gly Ala Gly Ser Ser Ser Ala Pro Glu Arg Asn Cys Val Gly Ser Ser

25

30

35

25 ctg cca gag gcc tca ccg cct gcc cct gag cct tcc agt ccc aac gcc 259

Leu Pro Glu Ala Ser Pro Pro Ala Pro Glu Pro Ser Ser Pro Asn Ala

40

45

50

55

gcg gtc cct gaa gcc atc cct acg ccc cga gct gcg gcc tcc gcg gcc 307

Ala Val Pro Glu Ala Ile Pro Thr Pro Arg Ala Ala Ala Ser Ala Ala

60

65

70

5 ctg gag ctg cct ctc ggg ccc gca ccc gtg agc gta gcg cct cag gcc 355

Leu Glu Leu Pro Leu Gly Pro Ala Pro Val Ser Val Ala Pro Gln Ala

75

80

85

gaa gct gaa gcg cgc tcc aca cca ggc ccc gcc ggc tct aga ctc ggt 403

10 Glu Ala Glu Ala Arg Ser Thr Pro Gly Pro Ala Gly Ser Arg Leu Gly

90

95

100

ccc gag acg ttc cgc cag cgt ttc cgg cag ttc cgc tac cag gat gcg 451

Pro Glu Thr Phe Arg Gln Arg Phe Arg Gln Phe Arg Tyr Gln Asp Ala

15 105

110

115

gcg ggt ccc cgg gag gct ttc cgg cag ctg cgg gag ctg tcc cgc cag 499

Ala Gly Pro Arg Glu Ala Phe Arg Gln Leu Arg Glu Leu Ser Arg Gln

120

125

130

135

20

tgg ctg cgg cct gac atc cgc acc aag gag cag atc gtg gag atg ctg 547

Trp Leu Arg Pro Asp Ile Arg Thr Lys Glu Gln Ile Val Glu Met Leu

140

145

150

25 gtg caa gag cag ctg ctc gcc atc ctg ccc gag gcg gct cgg gcc cgg 595

Val Gln Glu Gln Leu Leu Ala Ile Leu Pro Glu Ala Ala Arg Ala Arg

155

160

165

cgg atc cgc cgc cgc acg gat gtg cgc atc act ggc tga gcggtggagc 644

Arg Ile Arg Arg Arg Thr Asp Val Arg Ile Thr Gly

170

175

180

5 tgcgggcggc cagggccggg cgctctgtgc ggactggggc catgatcggg cccggggggcc 704

tgagcctggg accccacccc gtgttaatga aaaatgagtt ttggcagc

752

10 <210> 50

<211> 179

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15 <400> 50

Met Ala Ala Thr Glu Pro Ile Leu Ala Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ala

1

5

10

15

Val Pro Pro Glu Lys Leu Glu Gly Ala Gly Ser Ser Ser Ala Pro Glu

20

25

30

20 Arg Asn Cys Val Gly Ser Ser Leu Pro Glu Ala Ser Pro Pro Ala Pro

35

40

45

Glu Pro Ser Ser Pro Asn Ala Ala Val Pro Glu Ala Ile Pro Thr Pro

50

55

60

Arg Ala Ala Ala Ser Ala Ala Leu Glu Leu Pro Leu Gly Pro Ala Pro

25

65

70

75

80

Val Ser Val Ala Pro Gln Ala Glu Ala Glu Ala Arg Ser Thr Pro Gly

85

90

95

Pro Ala Gly Ser Arg Leu Gly Pro Glu Thr Phe Arg Gln Arg Phe Arg

115/360

100 105 110
 Gln Phe Arg Tyr Gln Asp Ala Ala Gly Pro Arg Glu Ala Phe Arg Gln
 115 120 125
 Leu Arg Glu Leu Ser Arg Gln Trp Leu Arg Pro Asp Ile Arg Thr Lys
 5 130 135 140
 Glu Gln Ile Val Glu Met Leu Val Gln Glu Gln Leu Leu Ala Ile Leu
 145 150 155 160
 Pro Glu Ala Ala Arg Ala Arg Arg Ile Arg Arg Arg Thr Asp Val Arg
 165 170 175
 10 Ile Thr Gly

<210> 51

<211> 1222

15 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

20 <222> (219).. (788)

<400> 51

ctcctgcctc agcctcccga gtagctggga ctacaggcgg ccgccaccat gcccggttaa 60

25 ttttttgat ttttagtaga gacgggggtt caccatgta gccaggatgg cctgatctc 120

ctgaccgcgt gatccgccg cctcggcctc cgaaactgct gaaattacag gcgtgagcca 180

cgcgccccgg ccctccctct tccgctgccg ccgtggga atg gaa aca tct gcc cca 236

Met Glu Thr Ser Ala Pro

1

5

5 cgt gcc gga agc caa gtg gtg gcg aca act gcg cgc cac tcc gcg gcc 284

Arg Ala Gly Ser Gln Val Val Ala Thr Thr Ala Arg His Ser Ala Ala

10

15

20

tac cgc gca gat cct cta cgt gtg tcc tcg cga gac aag ctc acc gaa 332

10 Tyr Arg Ala Asp Pro Leu Arg Val Ser Ser Arg Asp Lys Leu Thr Glu

25

30

35

atg gcc gcg tcc agt caa gga aac ttt gag gga aat ttt gag tca ctg 380

Met Ala Ala Ser Ser Gln Gly Asn Phe Glu Gly Asn Phe Glu Ser Leu

15

40

45

50

gac ctt gcg gaa ttt gct aag aag cag cca tgg tgg cgt aag ctg ttc 428

Asp Leu Ala Glu Phe Ala Lys Lys Gln Pro Trp Trp Arg Lys Leu Phe

55

60

65

70

20

ggg cag gaa tct gga cct tca gca gaa aag tat agc gtg gca acc cag 476

Gly Gln Glu Ser Gly Pro Ser Ala Glu Lys Tyr Ser Val Ala Thr Gln

75

80

85

25 ctg ttc att gga ggt gtc act gga tgg tgc aca ggt ttc ata ttc cag 524

Leu Phe Ile Gly Gly Val Thr Gly Trp Cys Thr Gly Phe Ile Phe Gln

90

95

100

117/360

aag gtt gga aag ttg gct gca aca gct gtg gga ggt gga ttt ttt ctc 572

Lys Val Gly Lys Leu Ala Ala Thr Ala Val Gly Gly Gly Phe Phe Leu

105

110

115

5 ctt cag ctt gca aac cat act ggg tac atc aaa gtt gac tgg caa cga 620

Leu Gln Leu Ala Asn His Thr Gly Tyr Ile Lys Val Asp Trp Gln Arg

120

125

130

gtg gag aag gac atg aag aaa gcc aaa gag cag ctg aag atc cgt aag 668

10 Val Glu Lys Asp Met Lys Lys Ala Lys Glu Gln Leu Lys Ile Arg Lys

135

140

145

150

agc aat cag ata cct act gag gtc agg agc aaa gct gag gag gtg gtg 716

Ser Asn Gln Ile Pro Thr Glu Val Arg Ser Lys Ala Glu Glu Val Val

15

155

160

165

tca ttt gtg aag aag aat gtt cta gta act ggg gga ttt ttc gga ggc 764

Ser Phe Val Lys Lys Asn Val Leu Val Thr Gly Gly Phe Phe Gly Gly

170

175

180

20

ttt ctg ctt ggc atg gca tcc taa ggaagatgac ctcattgtca ttgttcctgg 818

Phe Leu Leu Gly Met Ala Ser

185

190

25 ttttttccag ccagcagcct ctacactcca tcataggaca tcgagtcct cctcctcttc 878

tccatgcct tcttcctgc catggcaaat ctgagtggct tctctaagca tctgctggta 938

caagtcaatg tggcaccatg agcttcatgg tggcagaaga gacaatagtc cttagctctc 998

ctcccagtag accccctact tggccagtct gtaggccaac aagaaggttc ctttaccccc 1058

5 atgcaagaca cttatgagaa cacattacaa gatggctgac cgtggaggat gattggatcc 1118

tgaaggttg tcccaaactg ttgatttga aaagaaataa gcacatagat aaccttattg 1178

tgtgctgcat ggaaaggaac tgaatacatt tgcctttaag catg 1222

10

<210> 52

<211> 189

<212> PRT

15 <213> Homo sapiens

<400> 52

Met Glu Thr Ser Ala Pro Arg Ala Gly Ser Gln Val Val Ala Thr Thr

1 5 10 15

20 Ala Arg His Ser Ala Ala Tyr Arg Ala Asp Pro Leu Arg Val Ser Ser

20 25 30

Arg Asp Lys Leu Thr Glu Met Ala Ala Ser Ser Gln Gly Asn Phe Glu

35 40 45

Gly Asn Phe Glu Ser Leu Asp Leu Ala Glu Phe Ala Lys Lys Gln Pro

25 50 55 60

Trp Trp Arg Lys Leu Phe Gly Gln Glu Ser Gly Pro Ser Ala Glu Lys

65 70 75 80

Tyr Ser Val Ala Thr Gln Leu Phe Ile Gly Gly Val Thr Gly Trp Cys

119/360

	85	90	95
	Thr Gly Phe Ile Phe Gln Lys Val Gly Lys Leu Ala Ala Thr Ala Val		
	100	105	110
	Gly Gly Gly Phe Phe Leu Leu Gln Leu Ala Asn His Thr Gly Tyr Ile		
5	115	120	125
	Lys Val Asp Trp Gln Arg Val Glu Lys Asp Met Lys Lys Ala Lys Glu		
	130	135	140
	Gln Leu Lys Ile Arg Lys Ser Asn Gln Ile Pro Thr Glu Val Arg Ser		
	145	150	155
10	160		
	Lys Ala Glu Glu Val Val Ser Phe Val Lys Lys Asn Val Leu Val Thr		
	165	170	175
	Gly Gly Phe Phe Gly Gly Phe Leu Leu Gly Met Ala Ser		
	180	185	

15

<210> 53

<211> 1209

<212> DNA

<213> Homo sapiens

20

<220>

<221> CDS

<222> (95).. (448)

25

<400> 53

tcgcgcttgc ctgtgtcccg ggcttgtctg tgaagtgggc gtgaagatcg ttgccacctt 60

ccaacctacc tcacaggggt gttgtgggga cacc atg atc tct gga ttg ttc atg 115

120/360

Met Ile Ser Gly Leu Phe Met

1

5

tcg ttg tgc tgc gcc ggg agc cac cgc cct ccg gag aca ggg cag ctc 163

5 Ser Leu Cys Cys Ala Gly Ser His Arg Pro Pro Glu Thr Gly Gln Leu

10

15

20

ccc tac gac cct agc gcc tcc gcc ctc cgc ggc ccc tct cct ctc ttc 211

Pro Tyr Asp Pro Ser Ala Ser Ala Leu Arg Gly Pro Ser Pro Leu Phe

10

25

30

35

ctg ctc tgt ccc tcc ttc tcc atc agg gag cag cgt gac ttc agc gag 259

Leu Leu Cys Pro Ser Phe Ser Ile Arg Glu Gln Arg Asp Phe Ser Glu

40

45

50

55

15

tcc cgc gag cac ctg gct aga cag tta aca agc acg tcc ttc cag cct 307

Ser Arg Glu His Leu Ala Arg Gln Leu Thr Ser Thr Ser Phe Gln Pro

60

65

70

20 gag cca gcg cag gtt tgg gag ggg gct tcc tgg ccc ccc cca cgg tgt 355

Glu Pro Ala Gln Val Trp Glu Gly Ala Ser Trp Pro Pro Pro Arg Cys

75

80

85

tcc agc ccc tcc tct ctt ccg ccc cct agt ctc cca ccc ttc cct ccc 403

25 Ser Ser Pro Ser Ser Leu Pro Pro Pro Ser Leu Pro Pro Phe Pro Pro

90

95

100

cgt agt gac caa ttc cta tct ctt ccc tct ccg cag gct caa tga 448

Arg Ser Asp Gln Phe Leu Ser Leu Pro Ser Pro Gln Ala Gln

105

110

115

atcgaatgaa tgtgaacttc ttcatctgtg aaaaatcttt tttttttcca tttgttctg 508

5

tttgggggct tctgttttgt ttggcgagag agcgatggct gccgtgggga gtactgggga 568

gccctcgagg caagcagggt gggggggact tgggggcatg ccgggccctc actctctcgc 628

10 ctgttctgtg tctcacatgc tttttctttc aaaattggga tccttccatg ttgagccagc 688

cagagaagat agcgagatct aaatctctgc caaaaaaaaa aaaaacttaa aaattaaaaa 748

cacaaagagc aaagcagaac ttataaaatt atatatatat atattaaaaa gtctctattc 808

15

ttcaccccc agccttcctg aacctgcctc tctgaggata aagcaattca ttttctcca 868

ccctcgggcc tcttgTTTTT aaaataaact tttaaaaagg aaaaaaaaaa gtcactcttg 928

20 ctatttcttt ttttagtta gaggtggaac attccttgga ccaggtgttg tattgcagga 988

cccttcccc cagcagccaa gccccctctt ctctccctcc cgccctggct cagctccgc 1048

ggccccggcc gtccccctc ccaggactgg tctgttgtct ttcatctgt tcaagaggag 1108

25

attgaaactg aaaacaaaat gagaacaaca aaaaaaatg tatggcagtt tttactttt 1168

atcgctcggt tttacttca caataaatg ataacaaaac c

1209

122/360

<210> 54

<211> 117

5 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 54

Met Ile Ser Gly Leu Phe Met Ser Leu Cys Cys Ala Gly Ser His Arg
10 1 5 10 15
Pro Pro Glu Thr Gly Gln Leu Pro Tyr Asp Pro Ser Ala Ser Ala Leu
20 25 30
Arg Gly Pro Ser Pro Leu Phe Leu Leu Cys Pro Ser Phe Ser Ile Arg
35 40 45
15 Glu Gln Arg Asp Phe Ser Glu Ser Arg Glu His Leu Ala Arg Gln Leu
50 55 60
Thr Ser Thr Ser Phe Gln Pro Glu Pro Ala Gln Val Trp Glu Gly Ala
65 70 75 80
Ser Trp Pro Pro Pro Arg Cys Ser Ser Pro Ser Ser Leu Pro Pro Pro
20 85 90 95
Ser Leu Pro Pro Phe Pro Pro Arg Ser Asp Gln Phe Leu Ser Leu Pro
100 105 110
Ser Pro Gln Ala Gln
115

25

<210> 55

<211> 1763

123/360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

5 <221> CDS

<222> (26).. (922)

<400> 55

```
gtgacggctg cgtgcggcgg gaatc atg gct gct cgc aga gct ctg cac ttc 52
10 Met Ala Ala Arg Arg Ala Leu His Phe
1 5

gta ttc aaa gtg gga aac cgc ttc cag acg gcg cgt ttc tat cgg gac 100
Val Phe Lys Val Gly Asn Arg Phe Gln Thr Ala Arg Phe Tyr Arg Asp
15 10 15 20 25

gtc ctg ggg atg aag gtt ctg cgg cat gag gaa ttt gaa gaa ggc tgc 148
Val Leu Gly Met Lys Val Leu Arg His Glu Glu Phe Glu Glu Gly Cys
30 35 40

20 aaa gct gcc tgt aat ggg cct tat gat ggg aaa tgg agt aaa aca atg 196
Lys Ala Ala Cys Asn Gly Pro Tyr Asp Gly Lys Trp Ser Lys Thr Met
45 50 55

25 gtg gga ttt ggg cct gag gat gat cat ttt gtc gca gaa ctg act tac 244
Val Gly Phe Gly Pro Glu Asp Asp His Phe Val Ala Glu Leu Thr Tyr
60 65 70
```

aat tat ggc gtc gga gac tac aag ctt ggc aat gac ttt atg gga atc 292

Asn Tyr Gly Val Gly Asp Tyr Lys Leu Gly Asn Asp Phe Met Gly Ile

75

80

85

5 acg ctc gct tct agc cag gct gtc agc aac gcc agg aag ctg gag tgg 340

Thr Leu Ala Ser Ser Gln Ala Val Ser Asn Ala Arg Lys Leu Glu Trp

90

95

100

105

cca ctg acg gaa gtt gca gaa ggt gtt ttt gaa acc gag gcc ccg gga 388

10 Pro Leu Thr Glu Val Ala Glu Gly Val Phe Glu Thr Glu Ala Pro Gly

110

115

120

gga tat aag ttc tat ttg cag aat cgc agt ctg cct cag tca gat cct 436

Gly Tyr Lys Phe Tyr Leu Gln Asn Arg Ser Leu Pro Gln Ser Asp Pro

15

125

130

135

gta tta aaa gta act cta gca gtg tct gat ctt caa aag tcc ttg aac 484

Val Leu Lys Val Thr Leu Ala Val Ser Asp Leu Gln Lys Ser Leu Asn

140

145

150

20

tac tgg tgt aat cta ctg gga atg aaa att tat gaa aaa gat gaa gaa 532

Tyr Trp Cys Asn Leu Leu Gly Met Lys Ile Tyr Glu Lys Asp Glu Glu

155

160

165

25 aag caa agg gct ttg ctg ggc tat gct gat aac cag tgt aag ctg gag 580

Lys Gln Arg Ala Leu Leu Gly Tyr Ala Asp Asn Gln Cys Lys Leu Glu

170

175

180

185

125/360

cta cag ggc gtc aag ggt ggg gtg gac cat gca gca gct ttt gga aga 628
 Leu Gln Gly Val Lys Gly Gly Val Asp His Ala Ala Ala Phe Gly Arg
 190 195 200

5 att gcc ttc tct tgc ccc cag aaa gag ttg cca gac tta gaa gac ttg 676
 Ile Ala Phe Ser Cys Pro Gln Lys Glu Leu Pro Asp Leu Glu Asp Leu
 205 210 215

atg aaa agg gag aac cag aag att ctg act ccc ctg gtg agc ctg gac 724
 10 Met Lys Arg Glu Asn Gln Lys Ile Leu Thr Pro Leu Val Ser Leu Asp
 220 225 230

acc cca ggg aaa gca aca gta cag gtg gtc att ctg gcc gac cct gac 772
 Thr Pro Gly Lys Ala Thr Val Gln Val Val Ile Leu Ala Asp Pro Asp
 15 235 240 245

gga cat gaa att tgc ttt gtc ggg gat gaa gca ttt cga gaa ctt tct 820
 Gly His Glu Ile Cys Phe Val Gly Asp Glu Ala Phe Arg Glu Leu Ser
 250 255 260 265

20 aag atg gat cca gag gga agc aaa ttg ttg gat gat gca atg gca gca 868
 Lys Met Asp Pro Glu Gly Ser Lys Leu Leu Asp Asp Ala Met Ala Ala
 270 275 280

25 gat aaa agt gac gag tgg ttt gcc aaa cac aat aaa ccc aaa gct tca 916
 Asp Lys Ser Asp Glu Trp Phe Ala Lys His Asn Lys Pro Lys Ala Ser
 285 290 295

ggt taa cggaagacat gatgcagagc aagcctctgt gattcctgcc cagcacctgt 972

Gly

gaggcctgac gtgtcagttc ccaataaatg ctcttctgat ttgtttcccg tacaggcaag 1032

5

gaggcttggg tagtgcagat ttgtgtatit caatctttga aagctctgat gtaatttga 1092

aatgaaatcc aatcatgagt ccaggtagag aacgcctgct gtaatctaca ctgttgctgg 1152

10 gactgcgcac tctgtatata actgtgttgg atgagtgaca gatgattgtc cagactagga 1212

cagcggcatg aacatgactt tggttgggat tgcggatagt tagggttacc tctgaatcgt 1272

gtagctttta tgagagcagc tgtgcaagtg aatccacatt aatgccttgt cgtggtgcca 1332

15

ttcccagcgc ctgacgatac gctcttctat tgtcttattc tggcagggtt tgacgtttta 1392

aattttttaa agaaatttta ttccttgagc caaaagggtt ggtaaccac cccctotta 1452

20 cttgctttca cattttgagt gtccagagga aacagaaagg aatgagtgtg tgacgttgct 1512

gcacgcctga ctctgtgca gcttctttct gtgtatatat ttgttttat tttttccgt 1572

gtatatTTTT aatcccgaca gaacatcatg tgagatttct ttaaaatgga ttaaacgatt 1632

25

tcttcagcct gaaaaaaaag gttttgaaaa tgttttcttg tagttttgtt tggttctaaa 1692

caacaaatag gttttaatca ctcgaaatgg aattatattg tgtattcatt gaataaattt 1752

127/360

tttttgaaag t

1763

5 <210> 56

<211> 298

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10 <400> 56

Met Ala Ala Arg Arg Ala Leu His Phe Val Phe Lys Val Gly Asn Arg

1 5 10 15 -

Phe Gln Thr Ala Arg Phe Tyr Arg Asp Val Leu Gly Met Lys Val Leu

20 25 30

15 Arg His Glu Glu Phe Glu Glu Gly Cys Lys Ala Ala Cys Asn Gly Pro

35 40 45

Tyr Asp Gly Lys Trp Ser Lys Thr Met Val Gly Phe Gly Pro Glu Asp

50 55 60

Asp His Phe Val Ala Glu Leu Thr Tyr Asn Tyr Gly Val Gly Asp Tyr

20 65 70 75 80

Lys Leu Gly Asn Asp Phe Met Gly Ile Thr Leu Ala Ser Ser Gln Ala

85 90 95

Val Ser Asn Ala Arg Lys Leu Glu Trp Pro Leu Thr Glu Val Ala Glu

100 105 110

25 Gly Val Phe Glu Thr Glu Ala Pro Gly Gly Tyr Lys Phe Tyr Leu Gln

115 120 125

Asn Arg Ser Leu Pro Gln Ser Asp Pro Val Leu Lys Val Thr Leu Ala

130 135 140

128/360

Val Ser Asp Leu Gln Lys Ser Leu Asn Tyr Trp Cys Asn Leu Leu Gly
 145 150 155 160
 Met Lys Ile Tyr Glu Lys Asp Glu Glu Lys Gln Arg Ala Leu Leu Gly
 165 170 175
 5 Tyr Ala Asp Asn Gln Cys Lys Leu Glu Leu Gln Gly Val Lys Gly Gly
 180 185 190
 Val Asp His Ala Ala Ala Phe Gly Arg Ile Ala Phe Ser Cys Pro Gln
 195 200 205
 Lys Glu Leu Pro Asp Leu Glu Asp Leu Met Lys Arg Glu Asn Gln Lys
 10 210 215 220
 Ile Leu Thr Pro Leu Val Ser Leu Asp Thr Pro Gly Lys Ala Thr Val
 225 230 235 240
 Gln Val Val Ile Leu Ala Asp Pro Asp Gly His Glu Ile Cys Phe Val
 245 250 255
 15 Gly Asp Glu Ala Phe Arg Glu Leu Ser Lys Met Asp Pro Glu Gly Ser
 260 265 270
 Lys Leu Leu Asp Asp Ala Met Ala Ala Asp Lys Ser Asp Glu Trp Phe
 275 280 285
 Ala Lys His Asn Lys Pro Lys Ala Ser Gly
 20 290 295

<210> 57

25 <211> 1913

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (303).. (1379)

5 <400> 57

aacagtgtcta cccacagagt gaacaagaga gtagtcatttg ggaaacaaaa ggagaatttt 60

acagagagag agggatagct aaaactacgt gagcctggcg aggggtgcaga gcagaaagta 120

10 gagactgtcc gaagactgct atctgggacg agacaagttg ttaaaggac aggagagaaa 180

gcagagctat ttcaagagtg agccacagaa gggaatccag aggccatcta agcgaggaag 240

ggtctacagg cagtgagtga aggccaggag cagggcccag gccaggcacg accaccgagg 300

15

gg atg aac ttc aca gtg ggt ttc aag ccg ctg cta ggg gat gca cac 347

Met Asn Phe Thr Val Gly Phe Lys Pro Leu Leu Gly Asp Ala His

1 5 10 15

20 agc atg gac aac ctg gag aag cag ctc atc tgc ccc atc tgc ctg gag 395

Ser Met Asp Asn Leu Glu Lys Gln Leu Ile Cys Pro Ile Cys Leu Glu

20 25 30

atg ttc tcc aaa cca gtg gtg atc ctg ccc tgc caa cac aac ctg tgc 443

25 Met Phe Ser Lys Pro Val Val Ile Leu Pro Cys Gln His Asn Leu Cys

35 40 45

cgc aaa tgt gcc aac gac gtc ttc cag gcc tcg aat cct cta tgg cag 491

130/360

Arg Lys Cys Ala Asn Asp Val Phe Gln Ala Ser Asn Pro Leu Trp Gln

50

55

60

tcc cgg ggc tcc acc act gtg tct tca gga ggc cgt ttc cgc tgc cca 539

5 Ser Arg Gly Ser Thr Thr Val Ser Ser Gly Gly Arg Phe Arg Cys Pro

65

70

75

tgc tgc agg cat gag gtt gtc ctg gac aga cac ggt gtc tac ggc ctg 587

Ser Cys Arg His Glu Val Val Leu Asp Arg His Gly Val Tyr Gly Leu

10

80

85

90

95

cag cga aac ctg cta gtg gag aac att atc gac att tac aag cag gag 635

Gln Arg Asn Leu Leu Val Glu Asn Ile Ile Asp Ile Tyr Lys Gln Glu

100

105

110

15

tca tcc agg ccg ctg cac tcc aag gct gag cag cac ctc atg tgc gag 683

Ser Ser Arg Pro Leu His Ser Lys Ala Glu Gln His Leu Met Cys Glu

115

120

125

20 gag cat gaa gaa gag aag atc aat att tac tgc ctg agc tgt gag gtg 731

Glu His Glu Glu Glu Lys Ile Asn Ile Tyr Cys Leu Ser Cys Glu Val

130

135

140

ccc acc tgc tct ctc tgc aag gtc ttc ggt gcc cac aag gac tgt gag 779

25 Pro Thr Cys Ser Leu Cys Lys Val Phe Gly Ala His Lys Asp Cys Glu

145

150

155

gtg gcc cca ctg ccc acc att tac aaa cgc cag aag agt gag ctc agc 827

131/360

Val Ala Pro Leu Pro Thr Ile Tyr Lys Arg Gln Lys Ser Glu Leu Ser
 160 165 170 175

gat ggc atc gcg atg ctg gtg gca ggc aat gac cgc gtg caa gca gtg 875

5 Asp Gly Ile Ala Met Leu Val Ala Gly Asn Asp Arg Val Gln Ala Val
 180 185 190

atc aca cag atg gag gag gtg tgc cag act atc gag gac aat agc cgg 923

Ile Thr Gln Met Glu Glu Val Cys Gln Thr Ile Glu Asp Asn Ser Arg
 10 195 200 205

agg cag aag cag ttg tta aac cag agg ttt gag agc ctg tgc gca gtg 971

Arg Gln Lys Gln Leu Leu Asn Gln Arg Phe Glu Ser Leu Cys Ala Val
 210 215 220

15

ctg gag gag cgc aag ggt gag ctg ctg cag gcg ctg gcc cgg gag caa 1019

Leu Glu Glu Arg Lys Gly Glu Leu Leu Gln Ala Leu Ala Arg Glu Gln
 225 230 235

20 gag gag aag ctg cag cgc gtc cgc ggc ctc atc cgt cag tat ggc gac 1067

Glu Glu Lys Leu Gln Arg Val Arg Gly Leu Ile Arg Gln Tyr Gly Asp
 240 245 250 255

cac ctg gag gcc tcc tct aag ctg gtg gag tct gcc atc cag tcc atg 1115

25 His Leu Glu Ala Ser Ser Lys Leu Val Glu Ser Ala Ile Gln Ser Met
 260 265 270

gaa gag cca caa atg gcg ctg tat ctc cag cag gcc aag gag ctg atc 1163

132/360

Glu Glu Pro Gln Met Ala Leu Tyr Leu Gln Gln Ala Lys Glu Leu Ile

275

280

285

aat aag gtc ggg gcc atg tcg aag gtg gag ctg gca ggg cgg ccg gag 1211

5 Asn Lys Val Gly Ala Met Ser Lys Val Glu Leu Ala Gly Arg Pro Glu

290

295

300

cca ggc tat gag agc atg gag caa ttc acc gta agg gtg gag cac gtg 1259

Pro Gly Tyr Glu Ser Met Glu Gln Phe Thr Val Arg Val Glu His Val

10 305

310

315

gcc gaa atg ctg cgg acc atc gac ttc cag cca ggc gct tcc ggg gag 1307

Ala Glu Met Leu Arg Thr Ile Asp Phe Gln Pro Gly Ala Ser Gly Glu

320

325

330

335

15

gaa gag gag gtg gcc cca gac gga gag gag ggc agc gcg ggg ccg gag 1355

Glu Glu Glu Val Ala Pro Asp Gly Glu Glu Gly Ser Ala Gly Pro Glu

340

345

350

20 gaa gag cgg ccg gat ggg cct taa ggcctgcgcc gaccgcaccc tgctcgagag 1409

Glu Glu Arg Pro Asp Gly Pro

355

cccgcgctag agtcggggag gatctgcgca gagaccgcag catcacccaa atcggcgccg 1469

25

gccccgggag gatctcaata aagaactoga gcgtcccaga cccgtatctc ctttcgctgc 1529

ccaacccgc agcctgggct tcgaaggcga cccgccacc atcctgccct tcccagaacc 1589

133/360

tgagaccgtc tggggggcgg aagccaaatg aaccctatt gggcacctct gtgatgccag 1649

gagcgaactg gtgagcccag cgccctggga agagggccga gggcggggcg gtggtgccgg 1709

5

gacctctgag gtcctgggga tttggggacc cttgggtcc acatgcacct ggctgacctg 1769

gctgaaagcc gctgtctcgg agccccccac agcattttgt tccctcccg ctggcccggg 1829

10 ggccccacct tcccacgggt tcccacgtg ctgtgactgc cctgcctcta cgacaaaagc 1889

caacgggtct tcagtacttt tatt 1913

15 <210> 58

<211> 358

<212> PRT

<213> Homo sapiens

20 <400> 58

Met Asn Phe Thr Val Gly Phe Lys Pro Leu Leu Gly Asp Ala His Ser

1 5 10 15

Met Asp Asn Leu Glu Lys Gln Leu Ile Cys Pro Ile Cys Leu Glu Met

20 25 30

25 Phe Ser Lys Pro Val Val Ile Leu Pro Cys Gln His Asn Leu Cys Arg

35 40 45

Lys Cys Ala Asn Asp Val Phe Gln Ala Ser Asn Pro Leu Trp Gln Ser

50 55 60

134/360

Arg Gly Ser Thr Thr Val Ser Ser Gly Gly Arg Phe Arg Cys Pro Ser
 65 70 75 80
 Cys Arg His Glu Val Val Leu Asp Arg His Gly Val Tyr Gly Leu Gln
 85 90 95
 5 Arg Asn Leu Leu Val Glu Asn Ile Ile Asp Ile Tyr Lys Gln Glu Ser
 100 105 110
 Ser Arg Pro Leu His Ser Lys Ala Glu Gln His Leu Met Cys Glu Glu
 115 120 125
 His Glu Glu Glu Lys Ile Asn Ile Tyr Cys Leu Ser Cys Glu Val Pro
 10 130 135 140
 Thr Cys Ser Leu Cys Lys Val Phe Gly Ala His Lys Asp Cys Glu Val
 145 150 155 160
 Ala Pro Leu Pro Thr Ile Tyr Lys Arg Gln Lys Ser Glu Leu Ser Asp
 165 170 175
 15 Gly Ile Ala Met Leu Val Ala Gly Asn Asp Arg Val Gln Ala Val Ile
 180 185 190
 Thr Gln Met Glu Glu Val Cys Gln Thr Ile Glu Asp Asn Ser Arg Arg
 195 200 205
 Gln Lys Gln Leu Leu Asn Gln Arg Phe Glu Ser Leu Cys Ala Val Leu
 20 210 215 220
 Glu Glu Arg Lys Gly Glu Leu Leu Gln Ala Leu Ala Arg Glu Gln Glu
 225 230 235 240
 Glu Lys Leu Gln Arg Val Arg Gly Leu Ile Arg Gln Tyr Gly Asp His
 245 250 255
 25 Leu Glu Ala Ser Ser Lys Leu Val Glu Ser Ala Ile Gln Ser Met Glu
 260 265 270
 Glu Pro Gln Met Ala Leu Tyr Leu Gln Gln Ala Lys Glu Leu Ile Asn
 275 280 285

135/360

Lys Val Gly Ala Met Ser Lys Val Glu Leu Ala Gly Arg Pro Glu Pro
 290 295 300
 Gly Tyr Glu Ser Met Glu Gln Phe Thr Val Arg Val Glu His Val Ala
 305 310 315 320
 5 Glu Met Leu Arg Thr Ile Asp Phe Gln Pro Gly Ala Ser Gly Glu Glu
 325 330 335
 Glu Glu Val Ala Pro Asp Gly Glu Glu Gly Ser Ala Gly Pro Glu Glu
 340 345 350
 Glu Arg Pro Asp Gly Pro
 10 355

<210> 59

<211> 1520

15 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

20 <222> (32).. (1147)

<400> 59

aatccgagct cgtcccggcc tcaccagcgc c atg ctg ggc tcg cga gcc gcg 52

Met Leu Gly Ser Arg Ala Ala

25

1

5

ggg ttc gcg cgg ggc ctg cgg gct ttg gca ctg gcg tgg ctg ccg ggc 100

Gly Phe Ala Arg Gly Leu Arg Ala Leu Ala Leu Ala Trp Leu Pro Gly

136/360

	10	15	20	
	tgg cgg ggc cgc tcc ttc gcc ctg gcg cgt gcg gca ggc gcg ccc cac 148			
	- Trp Arg Gly Arg Ser Phe Ala Leu Ala Arg Ala Ala Gly Ala Pro His			
5	25	30	35	
	ggt ggt gac ttg cag ccc ccc gcc tgt ccc gag ccg cgc ggg cgc cag 196			
	Gly Gly Asp Leu Gln Pro Pro Ala Cys Pro Glu Pro Arg Gly Arg Gln			
	40	45	50	55
10				
	ctc agt ttg tcc gcg gcg gcg gtg gtg gac tct gcg ccc cgc ccc ctg 244			
	Leu Ser Leu Ser Ala Ala Ala Val Val Asp Ser Ala Pro Arg Pro Leu			
	60	65	70	
15	cag ccg tac ttg cgc ctc atg cgg ttg gac aag ccc att gga acc tgg 292			
	Gln Pro Tyr Leu Arg Leu Met Arg Leu Asp Lys Pro Ile Gly Thr Trp			
	75	80	85	
	ctt ctg tat tta cca tgt acc tgg agc att ggt ttg gca gct gaa cca 340			
20	Leu Leu Tyr Leu Pro Cys Thr Trp Ser Ile Gly Leu Ala Ala Glu Pro			
	90	95	100	
	ggt tgt ttt cca gat tgg tac atg ctc tcc ctc ttt ggc act gga gct 388			
	Gly Cys Phe Pro Asp Trp Tyr Met Leu Ser Leu Phe Gly Thr Gly Ala			
25	105	110	115	
	att ctg atg cgt gga gca ggc tgt act att aat gac atg tgg gac cag 436			
	Ile Leu Met Arg Gly Ala Gly Cys Thr Ile Asn Asp Met Trp Asp Gln			

137/360

120	125	130	135	
gac tat gat aaa aag gtt aca aga aca gcc aat cgt cca ata gcc gct				484
Asp Tyr Asp Lys Lys Val Thr Arg Thr Ala Asn Arg Pro Ile Ala Ala				
5	140	145	150	
gga gac att tca act ttt cag tcc ttt gtt ttt ctt ggg gga cag cta				532
Gly Asp Ile Ser Thr Phe Gln Ser Phe Val Phe Leu Gly Gly Gln Leu				
	155	160	165	
10	acc ctg gca ctg ggt gtt ctt ctg tgt cta aat tac tac agt ata gct			580
Thr Leu Ala Leu Gly Val Leu Leu Cys Leu Asn Tyr Tyr Ser Ile Ala				
	170	175	180	
15	ctg gga gca gga tcc tta ctt ctt gtc atc acc tac cca cta atg aaa			628
Leu Gly Ala Gly Ser Leu Leu Leu Val Ile Thr Tyr Pro Leu Met Lys				
	185	190	195	
aga att tca tac tgg cct caa cta gcc ttg ggc ttg aca ttt aat tgg				676
20	Arg Ile Ser Tyr Trp Pro Gln Leu Ala Leu Gly Leu Thr Phe Asn Trp			
	200	205	210	215
gga gcg tta ctt gga tgg tct gct atc aag ggt tcc tgt gat cca tct				724
Gly Ala Leu Leu Gly Trp Ser Ala Ile Lys Gly Ser Cys Asp Pro Ser				
25	220	225	230	
gtt tgc ctg cct ctt tat ttt tct gga gtt atg tgg aca cta ata tat				772
Val Cys Leu Pro Leu Tyr Phe Ser Gly Val Met Trp Thr Leu Ile Tyr				

138/360

	235	240	245	
	gac act att tat gcc cat cag gac aaa aga gat gat gtt ttg att ggt			820
	Asp Thr Ile Tyr Ala His Gln Asp Lys Arg Asp Asp Val Leu Ile Gly			
5	250	255	260	
	ctt aag tca acg gct ctg cgg ttc gga gaa aat acc aag ccg tgg ctc			868
	Leu Lys Ser Thr Ala Leu Arg Phe Gly Glu Asn Thr Lys Pro Trp Leu			
	265	270	275	
10	agc ggc ttc agt gtt gca atg ctg ggg gca ctg agc cta gtg ggt gtg			916
	Ser Gly Phe Ser Val Ala Met Leu Gly Ala Leu Ser Leu Val Gly Val			
	280	285	290	295
15	aac agt gga cag act gct ccc tac tac gct gcc ctg ggt gct gta gga			964
	Asn Ser Gly Gln Thr Ala Pro Tyr Tyr Ala Ala Leu Gly Ala Val Gly			
	300	305	310	
	gcc cat ctg act cac cag att tac act cta gac atc cac aga cct gag			1012
20	Ala His Leu Thr His Gln Ile Tyr Thr Leu Asp Ile His Arg Pro Glu			
	315	320	325	
	gat tgt tgg aat aaa ttt atc tcc aac cga aca ctg gga cta ata gtt			1060
	Asp Cys Trp Asn Lys Phe Ile Ser Asn Arg Thr Leu Gly Leu Ile Val			
25	330	335	340	
	ttt tta ggg att gtc ctt ggg aat ttg tgg aaa gaa aag aag aca gac			1108
	Phe Leu Gly Ile Val Leu Gly Asn Leu Trp Lys Glu Lys Lys Thr Asp			

139/360

345

350

355

aaa aca aag aag ggt ata gag aat aaa ata gaa aat taa tgaatgaaat 1157

Lys Thr Lys Lys Gly Ile Glu Asn Lys Ile Glu Asn

5

360

365

370

ttatctagga atttttaaaa cattttttac aaaatataat tagatttgaa tacaaaatct 1217

gatacaatat gttaaagaat taagaacctg aagatgaaga tttagagcat attacctgg 1277

10

attttactta ttgctagca aaattccccc ttgtcacaga aaccaggac tcttcaggat 1337

ttgagatggc cttgagtatt ttagttgata cattcttctg ccattataa ttctcacctg 1397

15

aagttatggg gattgcacag gttttggcac tttagaaaaa gcctgatgtg ggtcttacat 1457

aatgaatgt ctgtataaga aaatggactc ttttttttag ggaaaaataa aagcaactat 1517

ggg

1520

20

<210> 60

<211> 371

<212> PRT

25

<213> Homo sapiens

<400> 60

Met Leu Gly Ser Arg Ala Ala Gly Phe Ala Arg Gly Leu Arg Ala Leu

140/360

	1	5	10	15
	Ala Leu Ala Trp Leu Pro Gly Trp Arg Gly Arg Ser Phe Ala Leu Ala			
	20	25	30	
	Arg Ala Ala Gly Ala Pro His Gly Gly Asp Leu Gln Pro Pro Ala Cys			
5	35	40	45	
	Pro Glu Pro Arg Gly Arg Gln Leu Ser Leu Ser Ala Ala Ala Val Val			
	50	55	60	
	Asp Ser Ala Pro Arg Pro Leu Gln Pro Tyr Leu Arg Leu Met Arg Leu			
	65	70	75	80
10	Asp Lys Pro Ile Gly Thr Trp Leu Leu Tyr Leu Pro Cys Thr Trp Ser			
	85	90	95	
	Ile Gly Leu Ala Ala Glu Pro Gly Cys Phe Pro Asp Trp Tyr Met Leu			
	100	105	110	
	Ser Leu Phe Gly Thr Gly Ala Ile Leu Met Arg Gly Ala Gly Cys Thr			
15	115	120	125	
	Ile Asn Asp Met Trp Asp Gln Asp Tyr Asp Lys Lys Val Thr Arg Thr			
	130	135	140	
	Ala Asn Arg Pro Ile Ala Ala Gly Asp Ile Ser Thr Phe Gln Ser Phe			
	145	150	155	160
20	Val Phe Leu Gly Gly Gln Leu Thr Leu Ala Leu Gly Val Leu Leu Cys			
	165	170	175	
	Leu Asn Tyr Tyr Ser Ile Ala Leu Gly Ala Gly Ser Leu Leu Leu Val			
	180	185	190	
	Ile Thr Tyr Pro Leu Met Lys Arg Ile Ser Tyr Trp Pro Gln Leu Ala			
25	195	200	205	
	Leu Gly Leu Thr Phe Asn Trp Gly Ala Leu Leu Gly Trp Ser Ala Ile			
	210	215	220	
	Lys Gly Ser Cys Asp Pro Ser Val Cys Leu Pro Leu Tyr Phe Ser Gly			

141/360

225 230 235 240
 Val Met Trp Thr Leu Ile Tyr Asp Thr Ile Tyr Ala His Gln Asp Lys
 245 250 255
 Arg Asp Asp Val Leu Ile Gly Leu Lys Ser Thr Ala Leu Arg Phe Gly
 5 260 265 270
 Glu Asn Thr Lys Pro Trp Leu Ser Gly Phe Ser Val Ala Met Leu Gly
 275 280 285
 Ala Leu Ser Leu Val Gly Val Asn Ser Gly Gln Thr Ala Pro Tyr Tyr
 290 295 300
 10 Ala Ala Leu Gly Ala Val Gly Ala His Leu Thr His Gln Ile Tyr Thr
 305 310 315 320
 Leu Asp Ile His Arg Pro Glu Asp Cys Trp Asn Lys Phe Ile Ser Asn
 325 330 335
 Arg Thr Leu Gly Leu Ile Val Phe Leu Gly Ile Val Leu Gly Asn Leu
 15 340 345 350
 Trp Lys Glu Lys Lys Thr Asp Lys Thr Lys Lys Gly Ile Glu Asn Lys
 355 360 365
 Ile Glu Asn
 370
 20

<210> 61

<211> 1731

25 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (183).. (1301)

<400> 61

5 aagatagaac ccaaagaaag gcaaagagtc ctgcccgga ccggcgccgc gtgggcaaaa 60

cctgcgcccg tggaggggag cgagagggc accggggcgc gggagcaggc ggcgagcac 120

cagcattgtg ttagtgccgg gaggccactg tgtagcaag ctgagaggga aactgaagca 180

10 ag atg tcg ggc cgg agt ggg aag aag aaa atg tcc aag ctg tcc cgt 227

Met Ser Gly Arg Ser Gly Lys Lys Lys Met Ser Lys Leu Ser Arg

1 5 10 15

15 tca gct agg gca ggt gtc atc ttt cca gtg ggg agg ctg atg cgt tat 275

Ser Ala Arg Ala Gly Val Ile Phe Pro Val Gly Arg Leu Met Arg Tyr

20 25 30

ctg aag aaa ggg acg ttc aag tac cgg atc agc gtg ggc gcc cct gtc 323

20 Leu Lys Lys Gly Thr Phe Lys Tyr Arg Ile Ser Val Gly Ala Pro Val

35 40 45

tac atg gcg gca gtc att gag tac ctg gca gcg gaa att cta gaa ttg 371

Tyr Met Ala Ala Val Ile Glu Tyr Leu Ala Ala Glu Ile Leu Glu Leu

25 50 55 60

gcc ggc aat gcc gcg agg gac aac aag aag gcc cgg ata gcc ccg aga 419

Ala Gly Asn Ala Ala Arg Asp Asn Lys Lys Ala Arg Ile Ala Pro Arg

143/360

	65		70		75	
	cac atc ttg ctg gca gtt gcc aat gac gag gag ctc aac cag ctg cta					467
	His Ile Leu Leu Ala Val Ala Asn Asp Glu Glu Leu Asn Gln Leu Leu					
5	80		85		90	95
	aaa gga gtg acc atc gcc agt gga ggc gtc ctg ccc aga att cac ccc					515
	Lys Gly Val Thr Ile Ala Ser Gly Gly Val Leu Pro Arg Ile His Pro					
		100		105		110
10	gaa ctg ctg gcc aaa aag cga ggg acc aaa ggc aag tcg gaa acg atc					563
	Glu Leu Leu Ala Lys Lys Arg Gly Thr Lys Gly Lys Ser Glu Thr Ile					
		115		120		125
15	ctc tcc cca ccc cca gag aaa aga ggc agg aag gcc acg tca ggc aag					611
	Leu Ser Pro Pro Pro Glu Lys Arg Gly Arg Lys Ala Thr Ser Gly Lys					
		130		135		140
	aag ggg ggg aag aaa tcc aag gct gcc aaa cca cgg acg tcc aaa aag					659
20	Lys Gly Gly Lys Lys Ser Lys Ala Ala Lys Pro Arg Thr Ser Lys Lys					
		145		150		155
	tcc aaa cca aag gac agc gat aaa gaa gga act tca aat tcc acc tct					707
	Ser Lys Pro Lys Asp Ser Asp Lys Glu Gly Thr Ser Asn Ser Thr Ser					
25	160		165		170	175
	gaa gat ggg cca ggg gat gga ttc acc att ctg tct tct aag agc ctt					755
	Glu Asp Gly Pro Gly Asp Gly Phe Thr Ile Leu Ser Ser Lys Ser Leu					

144/360

	180	185	190	
	gtt ctg gga cag aag ctg tcc tta acc cag agt gac atc agc cat att			803
	Val Leu Gly Gln Lys Leu Ser Leu Thr Gln Ser Asp Ile Ser His Ile			
5	195	200	205	
	ggc tcc atg aga gtg gag ggc att gtc cac cca acc aca gcc gaa att			851
	Gly Ser Met Arg Val Glu Gly Ile Val His Pro Thr Thr Ala Glu Ile			
	210	215	220	
10	gac ctc aaa gaa gat ata ggt aaa gcc ttg gaa aag gct ggg gga aaa			899
	Asp Leu Lys Glu Asp Ile Gly Lys Ala Leu Glu Lys Ala Gly Gly Lys			
	225	230	235	
15	gag ttc ttg gaa acg gta aag gag ctt cgc aaa tcc caa ggc cct ttg			947
	Glu Phe Leu Glu Thr Val Lys Glu Leu Arg Lys Ser Gln Gly Pro Leu			
	240	245	250	255
	gaa gtc gcc gaa gcc gcc gtc agc caa tcc agt gga ctc gca gcc aaa			995
20	Glu Val Ala Glu Ala Ala Val Ser Gln Ser Ser Gly Leu Ala Ala Lys			
	260	265	270	
	ttt gtc atc cac tgt cac atc cct cag tgg ggc tcc gac aaa tgt gaa			1043
	Phe Val Ile His Cys His Ile Pro Gln Trp Gly Ser Asp Lys Cys Glu			
25	275	280	285	
	gaa cag ctt gaa gag acc atc aaa aac tgc ctg tca gcg gcg gag gac			1091
	Glu Gln Leu Glu Glu Thr Ile Lys Asn Cys Leu Ser Ala Ala Glu Asp			

145/360

	290	295	300	
	aag aag cta aag tcc gtc gcg ttc ccg cct ttc ccc agc ggc aga aac			1139
	Lys Lys Leu Lys Ser Val Ala Phe Pro Pro Phe Pro Ser Gly Arg Asn			
5	305	310	315	
	tgc ttt ccc aaa cag act gcg gcc cag gtg acc ctc aaa gcc atc tca			1187
	Cys Phe Pro Lys Gln Thr Ala Ala Gln Val Thr Leu Lys Ala Ile Ser			
	320	325	330	335
10				
	gcc cac ttt gat gac tcg agc gcg tcc tcg ctg aag aac gtg tac ttc			1235
	Ala His Phe Asp Asp Ser Ser Ala Ser Ser Leu Lys Asn Val Tyr Phe			
	340	345	350	
15				
	ctg ctc ttc gac agc gag agc atc ggc atc tac gtg cag gag atg gcc			1283
	Leu Leu Phe Asp Ser Glu Ser Ile Gly Ile Tyr Val Gln Glu Met Ala			
	355	360	365	
	aag ctc gac gcc aag tag ccgccgcact ttccagcagg gatcggagga			1331
20	Lys Leu Asp Ala Lys			
	370			
	cgacccgagt cccaagagtg gggttttgct ttttaaaagg agagaggagg ggtgatggca			1391
25				
	ggggagtgga ggggtggccgg gcaggctctg ccggcgcagg gagccctctg cccttcacac			1451
	tctccctccaa aagagcctcc atctgtaagg aagcaggctc ccgcgagggg tttctttcca			1511

tgtgttttcc tcctgttggt ttagaacttt tttaaaaaaa cagacctgt ttagattta 1571

tagcattgac ttttacacac attcacacaa gaaaaaatc cttcaaaat tcttaaatct 1631

5 tctgttcctc ctttttccaa gggaagaggg caaaaagtgg cctgggctct gttggtgtgc 1691

gtgttccgtg goggagagaa gaaaatggga aagacatctc 1731

10 <210> 62

<211> 372

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15 <400> 62

Met Ser Gly Arg Ser Gly Lys Lys Lys Met Ser Lys Leu Ser Arg Ser

1 5 10 15

Ala Arg Ala Gly Val Ile Phe Pro Val Gly Arg Leu Met Arg Tyr Leu

20 25 30

20 Lys Lys Gly Thr Phe Lys Tyr Arg Ile Ser Val Gly Ala Pro Val Tyr

35 40 45

Met Ala Ala Val Ile Glu Tyr Leu Ala Ala Glu Ile Leu Glu Leu Ala

50 55 60

Gly Asn Ala Ala Arg Asp Asn Lys Lys Ala Arg Ile Ala Pro Arg His

25 65 70 75 80

Ile Leu Leu Ala Val Ala Asn Asp Glu Glu Leu Asn Gln Leu Leu Lys

85 90 95

Gly Val Thr Ile Ala Ser Gly Gly Val Leu Pro Arg Ile His Pro Glu

147/360

	100	105	110
	Leu Leu Ala Lys Lys Arg Gly Thr Lys Gly Lys Ser Glu Thr Ile Leu		
	115	120	125
	Ser Pro Pro Pro Glu Lys Arg Gly Arg Lys Ala Thr Ser Gly Lys Lys		
5	130	135	140
	Gly Gly Lys Lys Ser Lys Ala Ala Lys Pro Arg Thr Ser Lys Lys Ser		
	145	150	155
	Lys Pro Lys Asp Ser Asp Lys Glu Gly Thr Ser Asn Ser Thr Ser Glu		
	165	170	175
10	Asp Gly Pro Gly Asp Gly Phe Thr Ile Leu Ser Ser Lys Ser Leu Val		
	180	185	190
	Leu Gly Gln Lys Leu Ser Leu Thr Gln Ser Asp Ile Ser His Ile Gly		
	195	200	205
	Ser Met Arg Val Glu Gly Ile Val His Pro Thr Thr Ala Glu Ile Asp		
15	210	215	220
	Leu Lys Glu Asp Ile Gly Lys Ala Leu Glu Lys Ala Gly Gly Lys Glu		
	225	230	235
	Phe Leu Glu Thr Val Lys Glu Leu Arg Lys Ser Gln Gly Pro Leu Glu		
	245	250	255
20	Val Ala Glu Ala Ala Val Ser Gln Ser Ser Gly Leu Ala Ala Lys Phe		
	260	265	270
	Val Ile His Cys His Ile Pro Gln Trp Gly Ser Asp Lys Cys Glu Glu		
	275	280	285
	Gln Leu Glu Glu Thr Ile Lys Asn Cys Leu Ser Ala Ala Glu Asp Lys		
25	290	295	300
	Lys Leu Lys Ser Val Ala Phe Pro Pro Phe Pro Ser Gly Arg Asn Cys		
	305	310	315
	Phe Pro Lys Gln Thr Ala Ala Gln Val Thr Leu Lys Ala Ile Ser Ala		

325 330 335
His Phe Asp Asp Ser Ser Ala Ser Ser Leu Lys Asn Val Tyr Phe Leu
340 345 350
Leu Phe Asp Ser Glu Ser Ile Gly Ile Tyr Val Gln Glu Met Ala Lys
5 355 360 365
Leu Asp Ala Lys
370

10

<210> 63
<211> 910
<212> DNA
<213> Homo sapiens

15

<220>
<221> CDS
<222> (21).. (698)

20 <400> 63

aaagtaaggg tgcgtgctg atg gcc ctg tgc gca ctg acc cgc gct ctg cgc 53

Met Ala Leu Cys Ala Leu Thr Arg Ala Leu Arg

1

5

10

25 tct ctg aac ctg gcg ccc ccg acc gtc gcc gcc cct gcc ccg agt ctg 101

Ser Leu Asn Leu Ala Pro Pro Thr Val Ala Ala Pro Ala Pro Ser Leu

15

20

25

ttc ccc gcc gcc cag atg atg aac aat ggc ctc ctc caa cag ccc tct 149
 Phe Pro Ala Ala Gln Met Met Asn Asn Gly Leu Leu Gln Gln Pro Ser
 30 35 40

5 gcc ttg atg ttg ctc ccc tgc cgc cca gtt ctt act tct gtg gcc ctt 197
 Ala Leu Met Leu Leu Pro Cys Arg Pro Val Leu Thr Ser Val Ala Leu
 45 50 55

aat gcc aac ttt gtg tcc tgg aag agt cgt acc aag tac acc att aca 245
 10 Asn Ala Asn Phe Val Ser Trp Lys Ser Arg Thr Lys Tyr Thr Ile Thr
 60 65 70 75

cca gtg aag atg agg aag tct ggg ggc cga gac cac aca ggc cga atc 293
 Pro Val Lys Met Arg Lys Ser Gly Gly Arg Asp His Thr Gly Arg Ile
 15 80 85 90

cgg gtg cat ggt att ggc ggg ggc cac aag caa cgt tat cga atg att 341
 Arg Val His Gly Ile Gly Gly Gly His Lys Gln Arg Tyr Arg Met Ile
 95 100 105

20 gac ttt ctg cgt ttc cgg cct gag gag acc aag tca gga ccc ttt gag 389
 Asp Phe Leu Arg Phe Arg Pro Glu Glu Thr Lys Ser Gly Pro Phe Glu
 110 115 120

25 gag aag gtt atc caa gtc cgc tat gat ccc tgt agg tca gca gac ata 437
 Glu Lys Val Ile Gln Val Arg Tyr Asp Pro Cys Arg Ser Ala Asp Ile
 125 130 135

gct ctg gtt gct ggg ggc agc cgg aaa cgc tgg atc atc gcc aca gaa 485
 Ala Leu Val Ala Gly Gly Ser Arg Lys Arg Trp Ile Ile Ala Thr Glu
 140 145 150 155

5 aac atg cag gct gga gat aca atc ttg aac tct aac cac ata ggc cga 533
 Asn Met Gln Ala Gly Asp Thr Ile Leu Asn Ser Asn His Ile Gly Arg
 160 165 170

atg gca gtt gct gct cgg gaa ggg gat gcg cat cct ctt ggg gct ctg 581
 10 Met Ala Val Ala Ala Arg Glu Gly Asp Ala His Pro Leu Gly Ala Leu
 175 180 185

cct gtg ggg acc ctc atc aac aac gtg gaa agt gag cca ggc cgg ggt 629
 Pro Val Gly Thr Leu Ile Asn Asn Val Glu Ser Glu Pro Gly Arg Gly
 15 190 195 200

gcc caa tat atc cga gct gca ggt gct gga aac gtg cgt agc aac agt 677
 Ala Gln Tyr Ile Arg Ala Ala Gly Ala Gly Asn Val Arg Ser Asn Ser
 205 210 215

20 agg ccg agt atc caa cgt tga tcataacaaa cgggtcattg gcaaggcagg 728
 Arg Pro Ser Ile Gln Arg
 220 225

25 tcgcaaccgc tggctgggca agaggcctaa cagtgggcgg tggcaccgca aggggggctg 788
 ggctggccga aagattcggc cactaccccc catgaagagt tacgtgaagc tgccttctgc 848

151/360

ttctgccc aa agctgatatc cctgtactct aataaaatgc cccccccccc cgttttaatc 908

tg

910

5

<210> 64

<211> 225

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10

<400> 64

Met Ala Leu Cys Ala Leu Thr Arg Ala Leu Arg Ser Leu Asn Leu Ala

1 5 10 15

Pro Pro Thr Val Ala Ala Pro Ala Pro Ser Leu Phe Pro Ala Ala Gln

15 20 25 30

Met Met Asn Asn Gly Leu Leu Gln Gln Pro Ser Ala Leu Met Leu Leu

35 40 45

Pro Cys Arg Pro Val Leu Thr Ser Val Ala Leu Asn Ala Asn Phe Val

50 55 60

20 Ser Trp Lys Ser Arg Thr Lys Tyr Thr Ile Thr Pro Val Lys Met Arg

65 70 75 80

Lys Ser Gly Gly Arg Asp His Thr Gly Arg Ile Arg Val His Gly Ile

85 90 95

Gly Gly Gly His Lys Gln Arg Tyr Arg Met Ile Asp Phe Leu Arg Phe

25 100 105 110

Arg Pro Glu Glu Thr Lys Ser Gly Pro Phe Glu Glu Lys Val Ile Gln

115 120 125

Val Arg Tyr Asp Pro Cys Arg Ser Ala Asp Ile Ala Leu Val Ala Gly

152/360

130 135 140
Gly Ser Arg Lys Arg Trp Ile Ile Ala Thr Glu Asn Met Gln Ala Gly
145 150 155 160
Asp Thr Ile Leu Asn Ser Asn His Ile Gly Arg Met Ala Val Ala Ala
5 165 170 175
Arg Glu Gly Asp Ala His Pro Leu Gly Ala Leu Pro Val Gly Thr Leu
180 185 190
Ile Asn Asn Val Glu Ser Glu Pro Gly Arg Gly Ala Gln Tyr Ile Arg
195 200 205
10 Ala Ala Gly Ala Gly Asn Val Arg Ser Asn Ser Arg Pro Ser Ile Gln
210 215 220
Arg
225

15

<210> 65

<211> 784

<212> DNA

20 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (156).. (500)

25

<400> 65

accccgcgcg cgctctctg tcgtggcgcg gcttcccgcg gtcttctctg caaatgggct 60

ccgtggccta gcgccccgt ccccgccacc cgtgatcgtg cgccgaggcc cgcgaggggt 120

cgccgcccag atcccaccag ccagcaagct aaagc atg gcg gcc atc ccc tcc 173

Met Ala Ala Ile Pro Ser

5

1

5

agc ggc tcg ctc gtg gcc acc cac gac tac tac cgg cgc cgc ctg ggt 221

Ser Gly Ser Leu Val Ala Thr His Asp Tyr Tyr Arg Arg Arg Leu Gly

10

15

20

10

tcc act tcc agc aac agc tcc tgc agc agt acc gag tgc ccc ggg gaa 269

Ser Thr Ser Ser Asn Ser Ser Cys Ser Ser Thr Glu Cys Pro Gly Glu

25

30

35

15

gcc att ccc cac ccc cca ggt ctc ccc aag gct gac ccg ggt cat tgg 317

Ala Ile Pro His Pro Pro Gly Leu Pro Lys Ala Asp Pro Gly His Trp

40

45

50

tgg gcc agc ttc ttt ttc ggg aag tcc acc ctc ccg ttc atg gcc acg 365

20

Trp Ala Ser Phe Phe Phe Gly Lys Ser Thr Leu Pro Phe Met Ala Thr

55

60

65

70

gtg ttg gag tcc gca gag cac tcg gaa cct ccc cag gcc tcc agc agc 413

Val Leu Glu Ser Ala Glu His Ser Glu Pro Pro Gln Ala Ser Ser Ser

25

75

80

85

atg acc gcc tgt ggc ctg gct cgg gac gcc ccg agg aag cag ccc ggc 461

Met Thr Ala Cys Gly Leu Ala Arg Asp Ala Pro Arg Lys Gln Pr Gly

154/360

90

95

100

ggt cag tcc agc aca gcc agc gct ggg ccc ccg tcc tga cctgagcggg 510

Gly Gln Ser Ser Thr Ala Ser Ala Gly Pro Pro Ser

5

105

110

115

taccaccagc cccaggcctg cggaggcgct agtccaccag agcccctccc cgtccctctc 570

cccactccgc atccctcgcc cccctcccca cctcccaccc cccaccctgt aaactaggcg 630

10

gctgcagcaa gcagaccttc gcatcaaac agcagacacc aaaaaccagt gagagccccg 690

ctctctaccg cccggcccca gcactcgcta gctttcctga cacctggaac tgtgcacctg 750

15

gcaccaagcg gaaaataaac tccaagcagc cagt

784

<210> 66

<211> 114

20 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 66

Met Ala Ala Ile Pro Ser Ser Gly Ser Leu Val Ala Thr His Asp Tyr

25

1

5

10

15

Tyr Arg Arg Arg Leu Gly Ser Thr Ser Ser Asn Ser Ser Cys Ser Ser

20

25

30

Thr Glu Cys Pro Gly Glu Ala Ile Pro His Pro Pro Gly Leu Pro Lys

155/360

35 40 45
 Ala Asp Pro Gly His Trp Trp Ala Ser Phe Phe Phe Gly Lys Ser Thr
 50 55 60
 Leu Pro Phe Met Ala Thr Val Leu Glu Ser Ala Glu His Ser Glu Pro
 5 65 70 75 80
 Pro Gln Ala Ser Ser Ser Met Thr Ala Cys Gly Leu Ala Arg Asp Ala
 85 90 95
 Pro Arg Lys Gln Pro Gly Gly Gln Ser Ser Thr Ala Ser Ala Gly Pro
 100 105 110
 10 Pro Ser

<210> 67

15 <211> 984

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

20 <221> CDS

<222> (348).. (770)

<400> 67

agaagacagg gcacccgcgg ccttgctgcg catgctcgcg ctgtgacccc ggcttgaggt 60

25

aacagcgoga gctgaggctg gggcccttgg cgcggaggct gagggacccg ccgcggcgct 120

gtcgcggag agggagggca ccgctgtcgc cagaagccaa ggagtcctca gtgaccgtgg 180

156/360

gatccacaac atctccacat cgctgtcccc acccagccag ggcagcgcca gcactagctc 240

agacgcaagg acggaaccgc tggactccag gttccttgcc tgggagtagg agaaatccac 300

5

ctgctggggg ctgagtgtgg cctgaggac aggcctggg tcccggg atg ccc ctg 356

Met Pro Leu

1

10 ccc gag ccc agc gag cag gag ggt gag agt gtg aag gcc agc cag gag 404

Pro Glu Pro Ser Glu Gln Glu Gly Glu Ser Val Lys Ala Ser Gln Glu

5

10

15

cca tcc ccc aag cca ggc aca gaa gtc atc ccg gca gcc ccc agg aag 452

15 Pro Ser Pro Lys Pro Gly Thr Glu Val Ile Pro Ala Ala Pro Arg Lys

20

25

30

35

ccc aga aag ttc tcc aaa ctg gtc ctg ctc aca gcc tcc aaa gac agc 500

Pro Arg Lys Phe Ser Lys Leu Val Leu Leu Thr Ala Ser Lys Asp Ser

20

40

45

50

acc aag gtg gcg ggg gcc aag cgc aag ggt gtg cac tgt gtc atg tcc 548

Thr Lys Val Ala Gly Ala Lys Arg Lys Gly Val His Cys Val Met Ser

55

60

65

25

ctg ggg gtg ccc ggc ccc gcc acc ctt gcc aag gcc ctc ctc cag acc 596

Leu Gly Val Pro Gly Pro Ala Thr Leu Ala Lys Ala Leu Leu Gln Thr

70

75

80

157/360

cac ccc gag gcc cag cgg gcc att gag gca gcc cct cag gag cct gag 644

His Pro Glu Ala Gln Arg Ala Ile Glu Ala Ala Pro Gln Glu Pro Glu

85

90

95

5

cag aaa cgg agc agg cag gac cca ggc aca gac aga aca gaa gac agt 692

Gln Lys Arg Ser Arg Gln Asp Pro Gly Thr Asp Arg Thr Glu Asp Ser

100

105

110

115

10

gga tta gca gcg ggg cct cct gag gct gct ggg gag aac ttt gcc ccc 740

Gly Leu Ala Ala Gly Pro Pro Glu Ala Ala Gly Glu Asn Phe Ala Pro

120

125

130

tgc tct gtg gcg ccc ggc aag tcc ctg taa ccttgacaac aggcgcaccc 790

15 Cys Ser Val Ala Pro Gly Lys Ser Leu

135

140

tcccgggcca ccaacccagc cataggctct tctctgtcog cagggttct ggggccaaat 850

20 ggggtgaatct ttgctttcaa cattgtgtga tttcttttct tttttttttt ttttttttag 910

atcaagtata agttactttt gtaagcagaa aaatactttc aaacaagaat aaaagaagct 970

gttcgctaga cccc

984

25

<210> 68

<211> 140

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 68

5 Met Pro Leu Pro Glu Pro Ser Glu Gln Glu Gly Glu Ser Val Lys Ala
1 5 10 15
Ser Gln Glu Pro Ser Pro Lys Pro Gly Thr Glu Val Ile Pro Ala Ala
20 25 30
Pro Arg Lys Pro Arg Lys Phe Ser Lys Leu Val Leu Leu Thr Ala Ser
10 35 40 45
Lys Asp Ser Thr Lys Val Ala Gly Ala Lys Arg Lys Gly Val His Cys
50 55 60
Val Met Ser Leu Gly Val Pro Gly Pro Ala Thr Leu Ala Lys Ala Leu
65 70 75 80
15 Leu Gln Thr His Pro Glu Ala Gln Arg Ala Ile Glu Ala Ala Pro Gln
85 90 95
Glu Pro Glu Gln Lys Arg Ser Arg Gln Asp Pro Gly Thr Asp Arg Thr
100 105 110
Glu Asp Ser Gly Leu Ala Ala Gly Pro Pro Glu Ala Ala Gly Glu Asn
20 115 120 125
Phe Ala Pro Cys Ser Val Ala Pro Gly Lys Ser Leu
130 135 140

25

<210> 69

<211> 864

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

5 <222> (357).. (614)

<400> 69

gtatgatgga agtcgtagta ggaaatggcg tcgtggcatt gaggggcac cctcctagaa 60

10 cctccaggaa aagctcgagg aagacgaggt tctgcggaga gagaggctcc aagcagtctg 120

ggaagtgtag tccagttggc ttagcagtag tttcgttggg ggggagccga ggttccggga 180

aggggctagg ccggcttgaa aagagattat gactgtacct tttaactttg tagctggaac 240

15

acaagaagtg tttgtttaat gaatgacgta cacatttaag atctgtttgg acgcggagga 300

taatcctgtg aattgctaata agttcactgg gtttggccct tagtgttgac ttcagt atg 359

Met

20

1

ctg aga cgg aaa cca aca cgc cta gag cta aag ctt gat gac att gaa 407

Leu Arg Arg Lys Pro Thr Arg Leu Glu Leu Lys Leu Asp Asp Ile Glu

5

10

15

25

gag ttt gag aac att cga aag gac ctg gag acc cgt aag aaa cag aag 455

Glu Phe Glu Asn Il Arg Lys Asp Leu Glu Thr Arg Lys Lys Gln Lys

20

25

30

160/360

gaa gat gtg gaa gtt gta gga ggc agt gat gga gaa gga gcc att ggg 503

Glu Asp Val Glu Val Val Gly Gly Ser Asp Gly Glu Gly Ala Ile Gly

35

40

45

5

ctt agc agt gat ccc aag agc cgg gaa caa atg atc aat gat cgg att 551

Leu Ser Ser Asp Pro Lys Ser Arg Glu Gln Met Ile Asn Asp Arg Ile

50

55

60

65

10 ggt tat aaa ccc caa ccc aag ccc aat aat cgt tca tct caa ttt gga 599

Gly Tyr Lys Pro Gln Pro Lys Pro Asn Asn Arg Ser Ser Gln Phe Gly

70

75

80

agt ctt gaa ttt tag agatggatta tcttgcacgc cagagcgctg gaatggaata 654

15 Ser Leu Glu Phe

85

aaatgatggc agaagtacaa accagattta gagaattgag tgcttgcagt caagcagaat 714

20 gtacctoctg cagagacaaa tcttctgcat gagattactg atgcttcaact tgcactctaa 774

gctggaatcc aaactctggt ttgtctcttg aaaatttgac tctataaaac tgatctgatt 834

ttctgttttt aaaaataaat atatttttgg

864

25

<210>. 70

<211> 85

161/360

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 70

5 Met Leu Arg Arg Lys Pro Thr Arg Leu Glu Leu Lys Leu Asp Asp Ile
1 5 10 15
Glu Glu Phe Glu Asn Ile Arg Lys Asp Leu Glu Thr Arg Lys Lys Gln
20 25 30
Lys Glu Asp Val Glu Val Val Gly Gly Ser Asp Gly Glu Gly Ala Ile
10 35 40 45
Gly Leu Ser Ser Asp Pro Lys Ser Arg Glu Gln Met Ile Asn Asp Arg
50 55 60
Ile Gly Tyr Lys Pro Gln Pro Lys Pro Asn Asn Arg Ser Ser Gln Phe
65 70 75 80
15 Gly Ser Leu Glu Phe
85

20 <210> 71

<211> 2617

<212> DNA

<213> Homo sapiens

25 <220>

<221> CDS

<222> (121)..(1860)

162/360

<400> 71

aggcctgcgg aggggcgtta tctggagggc cgcgggtgca ggccgcagtg acagggccgc 60

tcgccccgct agtcctgcct gtctcccggt gcagctgtgt tcgcggcctg caggcccaac 120

5

atg gcg cag gag gtg tcg gag tac ctg agc cag aac ccg cgg gtg gca 168

Met Ala Gln Glu Val Ser Glu Tyr Leu Ser Gln Asn Pro Arg Val Ala

1

5

10

15

10 gcc tgg gtg gag gcg ctg cgc tgc gac ggc gag act gac aaa cac tgg 216

Ala Trp Val Glu Ala Leu Arg Cys Asp Gly Glu Thr Asp Lys His Trp

20

25

30

cgc cac cgc cgg gat ttt ttg ctt cgc aac gcc ggg gac ctg gcc ccc 264

15 Arg His Arg Arg Asp Phe Leu Leu Arg Asn Ala Gly Asp Leu Ala Pro

35

40

45

gct ggc ggc gct gcc tcc gct agc acg gat gaa gct gcc gac gcc gag 312

Ala Gly Gly Ala Ala Ser Ala Ser Thr Asp Glu Ala Ala Asp Ala Glu

20

50

55

60

agc ggg acc cga aac cgg cag ctg cag cag ctc atc tcc ttt tcc atg 360

Ser Gly Thr Arg Asn Arg Gln Leu Gln Gln Leu Ile Ser Phe Ser Met

65

70

75

80

25

gcc tgg gcg aac cac gtc ttc ctc ggg tgc cga tac cct caa aaa gtt 408

Ala Trp Ala Asn His Val Phe Leu Gly Cys Arg Tyr Pro Gln Lys Val

85

90

95

atg gat aaa ata ctt agt atg gct gaa ggc atc aaa gtg aca gat gct 456
 Met Asp Lys Ile Leu Ser Met Ala Glu Gly Ile Lys Val Thr Asp Ala
 100 105 110

5

cca acc tat aca aca aga gat gaa ctg gtt gcc aag gtg aag aaa aga 504
 Pro Thr Tyr Thr Thr Arg Asp Glu Leu Val Ala Lys Val Lys Lys Arg
 115 120 125

10 ggg ata tcg agt agc aat gaa ggg gta gaa gag cca tcc aaa aaa cga 552
 Gly Ile Ser Ser Ser Asn Glu Gly Val Glu Glu Pro Ser Lys Lys Arg
 130 135 140

gtt ata gaa gga aaa aac agt tct gca gtt gag caa gat cac gca aaa 600
 15 Val Ile Glu Gly Lys Asn Ser Ser Ala Val Glu Gln Asp His Ala Lys
 145 150 155 160

acc tct gcc aag aca gaa cgt gca tca gct cag cag gaa aac agt tca 648
 Thr Ser Ala Lys Thr Glu Arg Ala Ser Ala Gln Gln Glu Asn Ser Ser
 20 165 170 175

acg tgt ata ggg tcg gcc atc aaa tca gag agt ggg aac tca gct cgg 696
 Thr Cys Ile Gly Ser Ala Ile Lys Ser Glu Ser Gly Asn Ser Ala Arg
 180 185 190

25

agc tct ggc atc tcc agt cag aat agc tct aca agt gat gga gat cga 744
 Ser Ser Gly Ile Ser Ser Gln Asn Ser S r Thr Ser Asp Gly Asp Arg
 195 200 205

164/360

tct gtt tcc agc caa agc agc agc agc gtt tcc tct cag gta aca acg 792

Ser Val Ser Ser Gln Ser Ser Ser Ser Val Ser Ser Gln Val Thr Thr

210 - - - - - 215 220

5

gca gga tct ggg aaa gct tct gaa gca gaa gct cca gat aaa cac ggt 840

Ala Gly Ser Gly Lys Ala Ser Glu Ala Glu Ala Pro Asp Lys His Gly

225 230 235 240

10 tca tca ttt gtt tcc ttg ctg aaa tcc agt gtg aat agt cac atg acc 888

Ser Ser Phe Val Ser Leu Leu Lys Ser Ser Val Asn Ser His Met Thr

245 250 255

caa tcc act gat tct aga caa caa agt gga tca cct aaa aag agt gct 936

15 Gln Ser Thr Asp Ser Arg Gln Gln Ser Gly Ser Pro Lys Lys Ser Ala

260 265 270

ttg gaa ggc tct tca gcc tca gct tct cga agc agc tca gag atc gag 984

Leu Glu Gly Ser Ser Ala Ser Ala Ser Arg Ser Ser Ser Glu Ile Glu

20 275 280 285

gtg ccc ttg ttg ggc tcc tca gga agc tca gag gta gaa ttg cca cta 1032

Val Pro Leu Leu Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Val Glu Leu Pro Leu

290 295 300

25

ttg tct tcc aaa cct agt tca gag aca gct tca agt ggg tta act tcc 1080

Leu Ser Ser Lys Pr Ser Ser Glu Thr Ala Ser Ser Gly Leu Thr Ser

305 310 315 320

165/360

aaa act agt tca gag gca agt gtt tca tca tca gtt gct aaa aac agt 1128
 Lys Thr Ser Ser Glu Ala Ser Val Ser Ser Ser Val Ala Lys Asn Ser
 325 330 335

5

tcc tca tca ggc aca tcc tta ctg act ccc aag agc agc tct tca aca 1176
 Ser Ser Ser Gly Thr Ser Leu Leu Thr Pro Lys Ser Ser Ser Ser Thr
 340 345 350

10 aat aca tcg ctg cta act tcc aag agc act tcc cag gta gct gca tca 1224
 Asn Thr Ser Leu Leu Thr Ser Lys Ser Thr Ser Gln Val Ala Ala Ser
 355 360 365

cta cta gct tcc aag agc agc tcc cag acc agt gga tct ctg gtt tcc 1272
 15 Leu Leu Ala Ser Lys Ser Ser Ser Gln Thr Ser Gly Ser Leu Val Ser
 370 375 380

aaa agc act tcc tta gca agt gtg tcc cag ttg gct tct aag agt agt 1320
 Lys Ser Thr Ser Leu Ala Ser Val Ser Gln Leu Ala Ser Lys Ser Ser
 20 385 390 395 400

tct cag act agc acc tca cag ttg cct tct aaa agt act tca cag tca 1368
 Ser Gln Thr Ser Thr Ser Gln Leu Pro Ser Lys Ser Thr Ser Gln Ser
 405 410 415

25

agt gag agt tct gtc aaa ttc tct tgc aag tta acc aat gaa gat gtg 1416
 Ser Glu Ser Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Leu Thr Asn Glu Asp Val
 420 425 430

166/360

aaa cag aag caa cct ttt ttc aat aga cta tat aaa acg gtg gca tgg 1464

Lys Gln Lys Gln Pro Phe Phe Asn Arg Leu Tyr Lys Thr Val Ala Trp

435

440

445

5

aag ttg gta gct gtt ggt ggc ttt agt ccc aat gtg aat cat gga gag 1512

Lys Leu Val Ala Val Gly Gly Phe Ser Pro Asn Val Asn His Gly Glu

450

455

460

10

ctc cta aat gca gct att gag gct ctg aaa gca aca ctg gat gta ttt 1560

Leu Leu Asn Ala Ala Ile Glu Ala Leu Lys Ala Thr Leu Asp Val Phe

465

470

475

480

ttt gtc cca cta aaa gaa ttg gca gat ctg cct caa aat aag agc tct 1608

15 Phe Val Pro Leu Lys Glu Leu Ala Asp Leu Pro Gln Asn Lys Ser Ser

485

490

495

caa gaa agt att gtt tgt gaa ttg agg tgc aag tct gtg tat ttg ggc 1656

Gln Glu Ser Ile Val Cys Glu Leu Arg Cys Lys Ser Val Tyr Leu Gly

20

500

505

510

act ggc tgt gga aaa agc aaa gaa aat gca aaa gca gtt gca tca aga 1704

Thr Gly Cys Gly Lys Ser Lys Glu Asn Ala Lys Ala Val Ala Ser Arg

515

520

525

25

gaa gca ttg aag tta ttt ctc aag aaa aag gtg gtg gta aaa ata tgt 1752

Glu Ala Leu Lys Leu Phe Leu Lys Lys Lys Val Val Val Lys Ile Cys

530

535

540

aaa agg aaa tac aga ggc agt gaa ata gaa gat cta gta ctc ctt gat 1800

Lys Arg Lys Tyr Arg Gly Ser Glu Ile Glu Asp Leu Val Leu Leu Asp

545

550

555

560

5

gaa gaa tcg agg cct gta aac tta cct cca gca cta aaa cat cct caa 1848

Glu Glu Ser Arg Pro Val Asn Leu Pro Pro Ala Leu Lys His Pro Gln

565

570

575

10 gaa tta cta taa tgtgtccaaa atatcactgc atacaatatc tggtatttga 1900

Glu Leu Leu

580

agagaaaaac tgacttttgt atagtataaa acacaggcctt tcacaaattt tgtattgctt 1960

15

ttttccagt ttgcagaaa atttacattc tagttctctt cacacagtag cagttgtaaa 2020

taatttatga atgacagtac acattaaaag gtatgcatta gcagcatatt agtatgctgt 2080

20 tttatttgct gaagaaaata ctgtcttcta tttttaatga tacattaggt acgatgtgta 2140

gttcggtaga gtcctaaaat tttgtacta ctttcaattt ggtgaaaatg tattaagttg 2200

tctaccatgt tttcttttct agctgaataa accacatcaa aggaaaggga ccacagtatt 2260

25

tgaatgtttg aaagtctgta aagcttaagg ttttaaaaat gttgcccgta atgttgaacg 2320

tgtctgttaa aaaataaaaag aaaaaatagt tgcttcaaac tatttttatg agaagttgta 2380

agcatttttt agatataaag cagtataaag tacttggtat ttactctga agttgttta 2440

aattcaccat gactttgacc gctgaagatt cttaagcgg gtaatttat gtttgaggt 2500- - -

5

ggaatacaat ttacactttt ttcttaaaaa catgaatgtg ggtttctata ttaagcatat 2560

tttgtgacta ctattaacag attgatttgt ttagatatta aatgcttta gctattt 2617

10

<210> 72

<211> 579

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15

<400> 72

Met Ala Gln Glu Val Ser Glu Tyr Leu Ser Gln Asn Pro Arg Val Ala

1 5 10 15

Ala Trp Val Glu Ala Leu Arg Cys Asp Gly Glu Thr Asp Lys His Trp

20 20 25 30

Arg His Arg Arg Asp Phe Leu Leu Arg Asn Ala Gly Asp Leu Ala Pro

35 40 45

Ala Gly Gly Ala Ala Ser Ala Ser Thr Asp Glu Ala Ala Asp Ala Glu

50 55 60

25 Ser Gly Thr Arg Asn Arg Gln Leu Gln Gln Leu Ile Ser Phe Ser Met

65 70 75 80

Ala Trp Ala Asn His Val Phe Leu Gly Cys Arg Tyr Pro Gln Lys Val

85 90 95

Met Asp Lys Ile Leu Ser Met Ala Glu Gly Ile Lys Val Thr Asp Ala
 100 105 110
 Pro Thr Tyr Thr Thr Arg Asp Glu Leu Val Ala Lys Val Lys Lys Arg
 115 120 125
 5 Gly Ile Ser Ser Ser Asn Glu Gly Val Glu Glu Pro Ser Lys Lys Arg
 130 135 140
 Val Ile Glu Gly Lys Asn Ser Ser Ala Val Glu Gln Asp His Ala Lys
 145 150 155 160
 Thr Ser Ala Lys Thr Glu Arg Ala Ser Ala Gln Gln Glu Asn Ser Ser
 10 165 170 175
 Thr Cys Ile Gly Ser Ala Ile Lys Ser Glu Ser Gly Asn Ser Ala Arg
 180 185 190
 Ser Ser Gly Ile Ser Ser Gln Asn Ser Ser Thr Ser Asp Gly Asp Arg
 195 200 205
 15 Ser Val Ser Ser Gln Ser Ser Ser Ser Val Ser Ser Gln Val Thr Thr
 210 215 220
 Ala Gly Ser Gly Lys Ala Ser Glu Ala Glu Ala Pro Asp Lys His Gly
 225 230 235 240
 Ser Ser Phe Val Ser Leu Leu Lys Ser Ser Val Asn Ser His Met Thr
 20 245 250 255
 Gln Ser Thr Asp Ser Arg Gln Gln Ser Gly Ser Pro Lys Lys Ser Ala
 260 265 270
 Leu Glu Gly Ser Ser Ala Ser Ala Ser Arg Ser Ser Ser Glu Ile Glu
 275 280 285
 25 Val Pro Leu Leu Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Val Glu Leu Pro Leu
 290 295 300
 Leu Ser Ser Lys Pro Ser Ser Glu Thr Ala Ser Ser Gly Leu Thr Ser
 305 310 315 320

170/360

Lys Thr Ser Ser Glu Ala Ser Val Ser Ser Ser Val Ala Lys Asn Ser
 325 330 335
 Ser Ser Ser Gly Thr Ser Leu Leu Thr Pro Lys Ser Ser Ser Ser Thr
 340 345 350
 5 Asn Thr Ser Leu Leu Thr Ser Lys Ser Thr Ser Gln Val Ala Ala Ser
 355 360 365
 Leu Leu Ala Ser Lys Ser Ser Ser Gln Thr Ser Gly Ser Leu Val Ser
 370 375 380
 Lys Ser Thr Ser Leu Ala Ser Val Ser Gln Leu Ala Ser Lys Ser Ser
 10 385 390 395 400
 Ser Gln Thr Ser Thr Ser Gln Leu Pro Ser Lys Ser Thr Ser Gln Ser
 405 410 415
 Ser Glu Ser Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Leu Thr Asn Glu Asp Val
 420 425 430
 15 Lys Gln Lys Gln Pro Phe Phe Asn Arg Leu Tyr Lys Thr Val Ala Trp
 435 440 445
 Lys Leu Val Ala Val Gly Gly Phe Ser Pro Asn Val Asn His Gly Glu
 450 455 460
 Leu Leu Asn Ala Ala Ile Glu Ala Leu Lys Ala Thr Leu Asp Val Phe
 20 465 470 475 480
 Phe Val Pro Leu Lys Glu Leu Ala Asp Leu Pro Gln Asn Lys Ser Ser
 485 490 495
 Gln Glu Ser Ile Val Cys Glu Leu Arg Cys Lys Ser Val Tyr Leu Gly
 500 505 510
 25 Thr Gly Cys Gly Lys Ser Lys Glu Asn Ala Lys Ala Val Ala Ser Arg
 515 520 525
 Glu Ala Leu Lys Leu Phe Leu Lys Lys Lys Val Val Val Lys Ile Cys
 530 535 540

171/360

Lys Arg Lys Tyr Arg Gly Ser Glu Ile Glu Asp Leu Val Leu Leu Asp

545 550 555 560

Glu Glu Ser Arg Pro Val Asn Leu Pro Pro Ala Leu Lys His Pro Gln

565 570 575

5 Glu Leu Leu

<210> 73

10 <211> 1810

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

15 <221> CDS

<222> (39).. (1121)

<400> 73

gcacgtgcgc aggggtgtgg aaacttaaccg gotgagcc atg gat aca ccg tta agg 56

20 Met Asp Thr Pro Leu Arg

1

5

cgc agc cga cgg ctg gga ggc cta agg ccc gaa tcc ccc gag agc ctc 104

Arg Ser Arg Arg Leu Gly Gly Leu Arg Pro Glu Ser Pro Glu Ser Leu

25 10 15 20

acc tca gtt tcg cgg acg aga cgg gcc ctt gtg gag ttc gag tcg aac 152

Thr Ser Val Ser Arg Thr Arg Arg Ala Leu Val Glu Phe Glu Ser Asn

172/360

	25	30	35	
	cca gaa gaa acg agg gag ccc ggg tct cct ccg agt gtg cag cgg gct 200			
	Pro Glu Glu Thr Arg Glu Pro Gly Ser Pro Pro Ser Val Gln Arg Ala			
5	40	45	50	
	ggc ctg ggg tcc ccc gaa agg ccg ccg aag aca agc cca gga tca ccc 248			
	Gly Leu Gly Ser Pro Glu Arg Pro Pro Lys Thr Ser Pro Gly Ser Pro			
	55	60	65	70
10				
	cgt ctg cag cag ggt gca ggc ttg gag tca ccc caa ggg cag cca gag 296			
	Arg Leu Gln Gln Gly Ala Gly Leu Glu Ser Pro Gln Gly Gln Pro Glu			
	75	80	85	
15				
	cca ggc gca gcg tcc ccc cag cgt cag caa gac cta cac ctg gag tcg 344			
	Pro Gly Ala Ala Ser Pro Gln Arg Gln Gln Asp Leu His Leu Glu Ser			
	90	95	100	
	cct caa aga cag cca gag tac agt cct gaa tcc cca cga tgt cag ccg 392			
20	Pro Gln Arg Gln Pro Glu Tyr Ser Pro Glu Ser Pro Arg Cys Gln Pro			
	105	110	115	
	aag cca agt gag gag gca cca aag tgt tct cag gac cag gga gta ctg 440			
	Lys Pro Ser Glu Glu Ala Pro Lys Cys Ser Gln Asp Gln Gly Val Leu			
25	120	125	130	
	gcc tcg gag ttg gcc cag aat aag gag gag ctg acc ccg ggg gcc ccc 488			
	Ala Ser Glu Leu Ala Gln Asn Lys Glu Glu Leu Thr Pro Gly Ala Pro			

173/360

135 140 145 150

cag cat cag cta ccg ccg gtc cca gga tca cca gag cct tac ccc ggt 536

Gln His Gln Leu Pro Pro Val Pro Gly Ser Pro Glu Pro Tyr Pro Gly

5 155 160 165

cag caa gct ccc ggt ccg gag ccc tct cag cca cta ctg gag ctg aca 584

Gln Gln Ala Pro Gly Pro Glu Pro Ser Gln Pro Leu Leu Glu Leu Thr

170 175 180

10

ccc agg gca cct ggc tcc ccc cgg ggt cag cat gag ccg agc aag cca 632

Pro Arg Ala Pro Gly Ser Pro Arg Gly Gln His Glu Pro Ser Lys Pro

185 190 195

15 cct cca gct ggg gag acg gtg aca ggc ggc ttc ggg gca aag aag cga 680

Pro Pro Ala Gly Glu Thr Val Thr Gly Gly Phe Gly Ala Lys Lys Arg

200 205 210

aaa ggt tct tca tcc cag gcc cca gcg tcc aag aag ttg aat aaa gag 728

20 Lys Gly Ser Ser Ser Gln Ala Pro Ala Ser Lys Lys Leu Asn Lys Glu

215 220 225 230

gag ctt cct gta atc ccg aag ggg aag ccc aaa tcg ggg cga gtg tgg 776

Glu Leu Pro Val Ile Pro Lys Gly Lys Pro Lys Ser Gly Arg Val Trp

25 235 240 245

aag gac cgc tcc aag aaa aga ttc tcc cag atg ctt cag gac aag ccc 824

Lys Asp Arg Ser Lys Lys Arg Phe Ser Gln Met L u Gln Asp Lys Pro

174/360

	250	255	260	
	ctg cgc aca tcg tgg cag cgg aag atg aag gaa cga cag gag agg aag			872
	Leu Arg Thr Ser Trp Gln Arg Lys Met Lys Glu Arg Gln Glu Arg Lys			
5	265	270	275	
	ctg gcc aag gac ttt gcc cgt cac ctg gag gag gag aag gag agg cgc			920
	Leu Ala Lys Asp Phe Ala Arg His Leu Glu Glu Glu Lys Glu Arg Arg			
	280	285	290	
10	cgc cag gag aag aaa cag cgc cgg gct gag aac ctg aaa cgc cgc ctg			968
	Arg Gln Glu Lys Lys Gln Arg Arg Ala Glu Asn Leu Lys Arg Arg Leu			
	295	300	305	310
15	gag aat gag cgg aag gca gag gtc gtc caa gtg atc cga aac ccc gcc			1016
	Glu Asn Glu Arg Lys Ala Glu Val Val Gln Val Ile Arg Asn Pro Ala			
	315	320	325	
	aag ctc aag cgg gca aag aag aag cag ctg cgc tcc att gag aag cgg			1064
20	Lys Leu Lys Arg Ala Lys Lys Lys Gln Leu Arg Ser Ile Glu Lys Arg			
	330	335	340	
	gac acc ctg gcc ctg ctg cag aag cag ccg ccc cag cag ccg gca gcc			1112
	Asp Thr Leu Ala Leu Leu Gln Lys Gln Pro Pro Gln Gln Pro Ala Ala			
25	345	350	355	
	aag atc tga gctcaggacg gcccagggcc ttccatggcc aacaaccatg			1161
	Lys Ile			

175/360

360

tcagacacag cacctcaggc cgctgctcag atgcctctgc tggagctggc actccaaacc 1221

5 catggctcca gaacagggac cccacccccg accggggctc ctcagccttt gaaggcttcc 1281

aggcaggtct gtgtgggaca gaagccaaaa gggtcctggg acctggcaga gatgggggcg 1341

ggaagagatt cagctcccat cctccttcc tctccttctc caagtgcctt caaaccaaga 1401

10

actgtacatt cttctgggtc ctcagtgagc tggtgactgg caggtgactc cctcagcagt 1461

gtatgccctt tctcagcatc ctaggtccat cccaggcctg gaggtgaca gttgggaatc 1521

15 cagcttcccc cacaccttcc caaaggctgc tctgagcacc tccacacccc actgcctctg 1581

tccccagcaa actgaatccg gttcctctcc acttttcaat actgaaagat taaaatgggg 1641

aggttgagg gagcagagct tttccctagc acccactttc ccaaaccagt ctctgcagaa 1701

20

gccccagaga atctaactca tgcctgtcca gtctacagca aaaatattta ttgagtgcct 1761

gttgcataca ggcacaatcc taggcactgg caaatacaga caatagacc 1810

25

<210> 74

<211> 360

<212> PRT

176/360

<213> Homo sapiens

<400> 74

Met Asp Thr Pro Leu Arg Arg Ser Arg Arg Leu Gly Gly Leu Arg Pro
 5 1 5 10 15
 Glu Ser Pro Glu Ser Leu Thr Ser Val Ser Arg Thr Arg Arg Ala Leu
 20 25 30
 Val Glu Phe Glu Ser Asn Pro Glu Glu Thr Arg Glu Pro Gly Ser Pro
 35 40 45
 10 Pro Ser Val Gln Arg Ala Gly Leu Gly Ser Pro Glu Arg Pro Pro Lys
 50 55 60
 Thr Ser Pro Gly Ser Pro Arg Leu Gln Gln Gly Ala Gly Leu Glu Ser
 65 70 75 80
 Pro Gln Gly Gln Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Pro Gln Arg Gln Gln
 15 85 90 95
 Asp Leu His Leu Glu Ser Pro Gln Arg Gln Pro Glu Tyr Ser Pro Glu
 100 105 110
 Ser Pro Arg Cys Gln Pro Lys Pro Ser Glu Glu Ala Pro Lys Cys Ser
 115 120 125
 20 Gln Asp Gln Gly Val Leu Ala Ser Glu Leu Ala Gln Asn Lys Glu Glu
 130 135 140
 Leu Thr Pro Gly Ala Pro Gln His Gln Leu Pro Pro Val Pro Gly Ser
 145 150 155 160
 Pro Glu Pro Tyr Pro Gly Gln Gln Ala Pro Gly Pro Glu Pro Ser Gln
 25 165 170 175
 Pro Leu Leu Glu Leu Thr Pro Arg Ala Pro Gly Ser Pro Arg Gly Gln
 180 185 190
 His Glu Pro Ser Lys Pro Pro Pro Ala Gly Glu Thr Val Thr Gly Gly

	195	200	205
	Phe Gly Ala Lys Lys Arg Lys Gly Ser Ser Ser Gln Ala Pro Ala Ser		
	210	215	220
	Lys Lys Leu Asn Lys Glu Glu Leu Pro Val Ile Pro Lys Gly Lys Pro		
5	225	230	235
	Lys Ser Gly Arg Val Trp Lys Asp Arg Ser Lys Lys Arg Phe Ser Gln		
	245	250	255
	Met Leu Gln Asp Lys Pro Leu Arg Thr Ser Trp Gln Arg Lys Met Lys		
	260	265	270
10	Glu Arg Gln Glu Arg Lys Leu Ala Lys Asp Phe Ala Arg His Leu Glu		
	275	280	285
	Glu Glu Lys Glu Arg Arg Arg Gln Glu Lys Lys Gln Arg Arg Ala Glu		
	290	295	300
	Asn Leu Lys Arg Arg Leu Glu Asn Glu Arg Lys Ala Glu Val Val Gln		
15	305	310	315
	Val Ile Arg Asn Pro Ala Lys Leu Lys Arg Ala Lys Lys Lys Gln Leu		
	325	330	335
	Arg Ser Ile Glu Lys Arg Asp Thr Leu Ala Leu Leu Gln Lys Gln Pro		
	340	345	350
20	Pro Gln Gln Pro Ala Ala Lys Ile		
	355	360	

<210> 75

25 <211> 1620

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (217).. (597)

5 <400> 75

gtttttctgc cgcgtccacc acaacctctg ctgtatcaga gggggccttc gccgccgccg 60

ccccaccac cgcccctgcc gccatcgcca cctccgccgc tgccgccttg gggccctcct 120

10 ccttcaccgc ccccttcacc acctctacac gttctaggcc ttctgtcctg gagaagaagc 180

tatagtcgtt ctcccttggt gggccggggc gcagcc atg gcg gac ggc ggc ggc 234

Met Ala Asp Gly Gly Gly

1

5

15

ggc ggg gga act ggc gcg gtg ggc ggc ggc gga act agc cag gcc tct 282

Gly Gly Gly Thr Gly Ala Val Gly Gly Gly Gly Thr Ser Gln Ala Ser

10

15

20

20 gcc ggg gca gcg act ggc gct act ggg gcc agc ggg ggc ggt ggc ccc 330

Ala Gly Ala Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Ser Gly Gly Gly Gly Pro

25

30

35

atc aac ccg gcc tcg ctg cct ccc ggc gac ccg cag ctc atc gct ctc 378

25 Ile Asn Pro Ala Ser Leu Pro Pro Gly Asp Pro Gln Leu Ile Ala Leu

40

45

50

atc gtg gag cag ctc aag agc cgg ggc ctt ttt gac agc ttc cgc cgg 426

179/360

Ile Val Glu Gln Leu Lys Ser Arg Gly Leu Phe Asp Ser Phe Arg Arg

55

60

65

70

gac tgc ctg gcc gac gtg gac acc aag cca gct tac caa aac ctg agg 474

5 Asp Cys Leu Ala Asp Val Asp Thr Lys Pro Ala Tyr Gln Asn Leu Arg

75

80

85

cag aaa gtg gat aat ttt gtg tca aca cat ctg gac aag cag gaa tgg 522

Gln Lys Val Asp Asn Phe Val Ser Thr His Leu Asp Lys Gln Glu Trp

10

90

95

100

aat cct acg atg aac aaa aac cag ttg cga aat ggt ctg agg cag agt 570

Asn Pro Thr Met Asn Lys Asn Gln Leu Arg Asn Gly Leu Arg Gln Ser

105

110

115

15

gtg gtt cag ttg ggt gat tgt ggg tga gattgtgcag taggaataac 617

Val Val Gln Leu Gly Asp Cys Gly

120

125

20 agctgctggt tgagaattac ccccaaaaag tgaaaatagc gtgagctgta tatggtcagg 677

gatgttgga gctggagtag acaggattat ttctcaggtg gtggatccaa aacttaacca 737

catcttcagg ccacaaatag aacgagcaat tcatgagttc ctggcggccc agaaaaaagc 797

25

agctgtgcc a gcacccctc cagagcccga aggccaggac cctccagctc catctcagga 857

cacttcctaa gaatacgcca gacacctttt gaaagctaatt ttttggtgaa gaaatggatt 917

cggttacata agagtgaac ttcagactga agataggcca aggtcgtcac tgatctcaag 977

atttcaacct tgaccatggg cagtgaccag attgaaaggg gagcaagttc ggcagtggga 1037

5

gagttgaccg tgcaccccc tgcattgtgc tgccatttgg ccagcctgtc caaggcatg 1097

acaccaagta gacactacag agagagaaac actacagcaa cccagggttg tcctgaaaca 1157

10 gacttttata cttgaacatg gagactgcac atggacttta gggtttgtgc tgtgggataa 1217

acggaagcta cagtgagaac atagccagtc ccaaagacaa tttcaaagaa aaatgacagt 1277

aaagattagc tgggagtagt ctttgacagt gcttatttga tactgtctct cagagtttgc 1337

15

aaaccagatt gtacaagtca ttagcgtcag atagctttaa agttgtgacc ttcttgata 1397

tgaatcttct agccagtttc ctttcctttg taacgaaaca tgaaatccta gaatgtatga 1457

20 gaagttcaga cattaggcat aaggaaactc gtttgcaggc tctctgtcca gggctgcttc 1517

ctgtcctgga ggggccagtg agtccttagt atgtttatit tattctcaca tttgtgtttt 1577

tttagaaaag tgaatgggtca ataaatggct tatctttcat aat 1620

25

<210> 76

<211> 126

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 76

5 Met Ala Asp Gly Gly Gly Gly Gly Gly Thr Gly Ala Val Gly Gly Gly
1 5 10 15
Gly Thr Ser Gln Ala Ser Ala Gly Ala Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala
20 25 30
Ser Gly Gly Gly Gly Pro Ile Asn Pro Ala Ser Leu Pro Pro Gly Asp
10 35 40 45
Pro Gln Leu Ile Ala Leu Ile Val Glu Gln Leu Lys Ser Arg Gly Leu
50 55 60
Phe Asp Ser Phe Arg Arg Asp Cys Leu Ala Asp Val Asp Thr Lys Pro
65 70 75 80
15 Ala Tyr Gln Asn Leu Arg Gln Lys Val Asp Asn Phe Val Ser Thr His
85 90 95
Leu Asp Lys Gln Glu Trp Asn Pro Thr Met Asn Lys Asn Gln Leu Arg
100 105 110
Asn Gly Leu Arg Gln Ser Val Val Gln Leu Gly Asp Cys Gly
20 115 120 125

<210> 77

25 <211> 1349

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (185).. (1042)

5 <400> 77

gtattttccaa ggactccaaa gcgaggccgg ggactgaagg tgtgggtgtc gagccctctg 60

gcagagggtt aacctgggtc aaatgcacgg attctcacct cgtacagtta cgctctcccg 120

10 cggcacgtcc gcgaggactt gaagtcctga gcgctcaagt ttgtccgtag gtcgagagaa 180

ggcc atg gag gtg ccg cca ccg gca ccg cgg agc ttt ctc tgt aga gca 229

Met Glu Val Pro Pro Pro Ala Pro Arg Ser Phe Leu Cys Arg Ala

1

5

10

15

15

ttg tgc cta ttt ccc cga gtc ttt gct gcc gaa gct gtg act gcc gat 277

Leu Cys Leu Phe Pro Arg Val Phe Ala Ala Glu Ala Val Thr Ala Asp

20

25

30

20 tcg gaa gtc ctt gag gag cgt cag aag cgg ctt ccc tac gtc cca gag 325

Ser Glu Val Leu Glu Glu Arg Gln Lys Arg Leu Pro Tyr Val Pro Glu

35

40

45

ccc tat tac ccg gaa tct gga tgg gac cgc ctc cgg gag ctg ttt ggc 373

25 Pro Tyr Tyr Pro Glu Ser Gly Trp Asp Arg Leu Arg Glu Leu Phe Gly

50

55

60

aaa gat gaa cag cag aga att tca aag gac ctt gct aat atc tgt aag 421

183/360

Lys Asp Glu Gln Gln Arg Ile Ser Lys Asp Leu Ala Asn Ile Cys Lys

65

70

75

acg gca gct aca gca ggc atc att ggc tgg gtg tat ggg gga ata cca 469

5 Thr Ala Ala Thr Ala Gly Ile Ile Gly Trp Val Tyr Gly Gly Ile Pro

80

85

90

95

gct ttt att cat gct aaa caa caa tac att gag cag agc cag gca gaa 517

Ala Phe Ile His Ala Lys Gln Gln Tyr Ile Glu Gln Ser Gln Ala Glu

10

100

105

110

att tat cat aac cgg ttt gat gct gtg caa tct gca cat cgt gct gcc 565

Ile Tyr His Asn Arg Phe Asp Ala Val Gln Ser Ala His Arg Ala Ala

115

120

125

15

aca cga ggc ttc att cgt tat ggc tgg cgc tgg ggt tgg aga act gca 613

Thr Arg Gly Phe Ile Arg Tyr Gly Trp Arg Trp Gly Trp Arg Thr Ala

130

135

140

20 gtg ttt gtg act ata ttc aac aca gtg aac act agt ctg aat gta tac 661

Val Phe Val Thr Ile Phe Asn Thr Val Asn Thr Ser Leu Asn Val Tyr

145

150

155

cga aat aaa gat gcc tta agc cat ttt gta att gca gga gct gtc acg 709

25 Arg Asn Lys Asp Ala Leu Ser His Phe Val Ile Ala Gly Ala Val Thr

160

165

170

175

gga agt ctt ttt agg ata aac gta ggc ctg cgt ggc ctg gtg gct ggt 757

184/360

Gly Ser Leu Phe Arg II Asn Val Gly Leu Arg Gly Leu Val Ala Gly

180

185

190

ggc ata att gga gcc ttg ctg ggc act cct gta gga ggc ctg ctg atg 805

5 Gly Ile Ile Gly Ala Leu Leu Gly Thr Pro Val Gly Gly Leu Leu Met

195

200

205

gca ttt cag aag tac tct ggt gag act gtt cag gaa aga aaa cag aag 853

Ala Phe Gln Lys Tyr Ser Gly Glu Thr Val Gln Glu Arg Lys Gln Lys

10

210

215

220

gat cga aag gca ctc cat gag cta aaa ctg gaa gag tgg aaa ggc aga 901

Asp Arg Lys Ala Leu His Glu Leu Lys Leu Glu Glu Trp Lys Gly Arg

225

230

235

15

cta caa gtt act gag cac ctc cct gag aaa att gaa agt agt tta cag 949

Leu Gln Val Thr Glu His Leu Pro Glu Lys Ile Glu Ser Ser Leu Gln

240

245

250

255

20 gaa gat gaa cct gag aat gat gct aag aaa att gaa gca ctg cta aac 997

Glu Asp Glu Pro Glu Asn Asp Ala Lys Lys Ile Glu Ala Leu Leu Asn

260

265

270

ctt cct aga aac cct tca gta ata gat aaa caa gac aag gac tga 1042

25 Leu Pro Arg Asn Pro Ser Val Ile Asp Lys Gln Asp Lys Asp

275

280

285

aagtgtcttg aacttgaaac tcactggaga gctgaaggga gctgccatgt ccgatgaatg 1102

185/360

ccaacagaca ggccactcct tggcagcct gctgacaaat ttaagtctg gtacctgtgg 1162

tggcagtggc ttgctcttgt ctttttcttt tctttttaac taagaatggg gctgttgtac 1222

5

tctcacttta cttatccttc aatttaaata catacttatg ttigtattaa tctatcaata 1282

tatgcataca tgaatatatc caccaccta gattttaagc agtaaataaa acatttcgca 1342

10 aaagatt

1349

<210> 78

<211> 285

15 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 78

Met Glu Val Pro Pro Pro Ala Pro Arg Ser Phe Leu Cys Arg Ala Leu

20

1

5

10

15

Cys Leu Phe Pro Arg Val Phe Ala Ala Glu Ala Val Thr Ala Asp Ser

20

25

30

Glu Val Leu Glu Glu Arg Gln Lys Arg Leu Pro Tyr Val Pro Glu Pro

35

40

45

25

Tyr Tyr Pro Glu Ser Gly Trp Asp Arg Leu Arg Glu Leu Phe Gly Lys

50

55

60

Asp Glu Gln Gln Arg Ile Ser Lys Asp Leu Ala Asn Ile Cys Lys Thr

65

70

75

80

186/360

Ala Ala Thr Ala Gly Ile Ile Gly Trp Val Tyr Gly Gly Ile Pro Ala
 85 90 95
 Phe Ile His Ala Lys Gln Gln Tyr Ile Glu Gln Ser Gln Ala Glu Ile
 100 105 110
 5 Tyr His Asn Arg Phe Asp Ala Val Gln Ser Ala His Arg Ala Ala Thr
 115 120 125
 Arg Gly Phe Ile Arg Tyr Gly Trp Arg Trp Gly Trp Arg Thr Ala Val
 130 135 140
 Phe Val Thr Ile Phe Asn Thr Val Asn Thr Ser Leu Asn Val Tyr Arg
 10 145 150 155 160
 Asn Lys Asp Ala Leu Ser His Phe Val Ile Ala Gly Ala Val Thr Gly
 165 170 175
 Ser Leu Phe Arg Ile Asn Val Gly Leu Arg Gly Leu Val Ala Gly Gly
 180 185 190
 15 Ile Ile Gly Ala Leu Leu Gly Thr Pro Val Gly Gly Leu Leu Met Ala
 195 200 205
 Phe Gln Lys Tyr Ser Gly Glu Thr Val Gln Glu Arg Lys Gln Lys Asp
 210 215 220
 Arg Lys Ala Leu His Glu Leu Lys Leu Glu Glu Trp Lys Gly Arg Leu
 20 225 230 235 240
 Gln Val Thr Glu His Leu Pro Glu Lys Ile Glu Ser Ser Leu Gln Glu
 245 250 255
 Asp Glu Pro Glu Asn Asp Ala Lys Lys Ile Glu Ala Leu Leu Asn Leu
 260 265 270
 25 Pro Arg Asn Pro Ser Val Ile Asp Lys Gln Asp Lys Asp
 275 280 285

187/360

<210> 79

<211> 1355

<212> DNA

5 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (79).. (1068)

10

<400> 79

gatggcggct tcctagttag tcggcggctg atttagaagg aggttcaggc tacggtgagc 60

cgaagccaca caggagcc atg gaa gtg gca gag ccc agc agc ccc act gaa 111

15 Met Glu Val Ala Glu Pro Ser Ser Pro Thr Glu

1 5 10

gag gag gag gag gaa gag gag cac tcg gca gag cct cgg ccc cgc act 159

Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu His Ser Ala Glu Pro Arg Pro Arg Thr

20 15 20 25

cgc tcc aat cct gaa ggg gct gag gac cgg gca gta ggg gca cag gcc 207

Arg Ser Asn Pro Glu Gly Ala Glu Asp Arg Ala Val Gly Ala Gln Ala

30 35 40

25

agc gtg ggc agc cgc agc gag ggt gag ggt gag gcc gcc agt gct gat 255

Ser Val Gly Ser Arg Ser Glu Gly Glu Gly Glu Ala Ala Ser Ala Asp

45 50 55

gat ggg agc ctc aac act tca gga gcc ggc cct aag tcc tgg cag gtg 303

Asp Gly Ser Leu Asn Thr Ser Gly Ala Gly Pro Lys Ser Trp Gln Val

60

65

70

75

5

ccc ccg cca gcc cct gag gtc caa att cgg aca cca agg gtc aac tgt 351

Pro Pro Pro Ala Pro Glu Val Gln Ile Arg Thr Pro Arg Val Asn Cys

80

85

90

10 cca gag aaa gtg att atc tgc ctg gac ctg tca gag gaa atg tca ctg 399

Pro Glu Lys Val Ile Ile Cys Leu Asp Leu Ser Glu Glu Met Ser Leu

95

100

105

cca aag ctg gag tcg ttc aac ggc tcc aaa acc aac gcc ctc aat gtc 447

15 Pro Lys Leu Glu Ser Phe Asn Gly Ser Lys Thr Asn Ala Leu Asn Val

110

115

120

tcc cag aag atg att gag atg ttc gtg cgg aca aaa cac aag atc gac 495

Ser Gln Lys Met Ile Glu Met Phe Val Arg Thr Lys His Lys Ile Asp

20

125

130

135

aaa agc cac gag ttt gca ctg gtg gtg gtg aac gat gac acg gcc tgg 543

Lys Ser His Glu Phe Ala Leu Val Val Val Asn Asp Asp Thr Ala Trp

140

145

150

155

25

ctg tct ggc ctg acc tcc gac ccc cgc gag ctc tgt agc tgc ctc tat 591

Leu Ser Gly Leu Thr Ser Asp Pro Arg Glu Leu Cys Ser Cys Leu Tyr

160

165

170

189/360

gat ctg gag acg gcc tcc tgt tcc acc ttc aat ctg gaa gga ctt ttc 639
 Asp Leu Glu Thr Ala Ser Cys Ser Thr Phe Asn Leu Glu Gly Leu Phe
 175 180 185

5

agc ctc atc cag cag aaa act gag ctt ccg gtc aca gag aac gtg cag 687
 Ser Leu Ile Gln Gln Lys Thr Glu Leu Pro Val Thr Glu Asn Val Gln
 190 195 200

10

acg att ccc ccg cca tat gtg gtc cgc acc atc ctt gtc tac agc cgt 735
 Thr Ile Pro Pro Pro Tyr Val Val Arg Thr Ile Leu Val Tyr Ser Arg
 205 210 215

15

cca cct tgc cag ccc cag ttc tcc ttg acg gag ccc atg aag aaa atg 783
 Pro Pro Cys Gln Pro Gln Phe Ser Leu Thr Glu Pro Met Lys Lys Met
 220 225 230 235

20

ttc cag tgc cca tat ttc ttc ttt gac gtt gtt tac atc cac aat ggc 831
 Phe Gln Cys Pro Tyr Phe Phe Phe Asp Val Val Tyr Ile His Asn Gly
 240 245 250

25

act gag gag aag gag gag gag atg agt tgg aag gat atg ttt gcc ttc 879
 Thr Glu Glu Lys Glu Glu Glu Met Ser Trp Lys Asp Met Phe Ala Phe
 255 260 265

atg ggc agc ctg gat acc aag ggt acc agc tac aaa tat gag gtg gca 927
 Met Gly Ser Leu Asp Thr Lys Gly Thr S r Tyr Lys Tyr Glu Val Ala
 270 275 280

190/360

ctg gct ggg cca gcc ctg gag ttg cac aac tgc atg gcg aaa ctg ttg 975

Leu Ala Gly Pro Ala Leu Glu Leu His Asn Cys Met Ala Lys Leu Leu

285

290

295

5

gcc cac ccc ctg cag cgg cct tgc cag agc cat gct tcc tac agc ctg 1023

Ala His Pro Leu Gln Arg Pro Cys Gln Ser His Ala Ser Tyr Ser Leu

300

305

310

315

10

ctg gag gag gag gat gaa gcc att gag gtt gag gcc act gtc tga 1068

Leu Glu Glu Glu Asp Glu Ala Ile Glu Val Glu Ala Thr Val

320

325

330

accatccctg tacatctgca ccttcttgtg caaggaagtc cttggcctaa agccttggtt 1128

15

ctcaaaactgg gttccttggg acctccgggg tggggggggtt ccaggaggca cgtagggtag 1188

cttgcagggt cctaggaggg aaaccaggga ttccaggagg gatcccaggga actgtgggca 1248

20

cccattttct gtgtctccca gccatttcc actcctagtt tgtcatggat aatttttggt 1308

cttcctgtg tgatttttgc catcaaaata aaaatttgag actcgtt

1355

25

<210> 80

<211> 329

<212> PRT

<213> Homo sapiens

191/360

<400> 80

Met Glu Val Ala Glu Pro Ser Ser Pro Thr Glu Glu Glu Glu Glu Glu
 1 5 10 15
 5 Glu Glu His Ser Ala Glu Pro Arg Pro Arg Thr Arg Ser Asn Pro Glu
 20 25 30
 Gly Ala Glu Asp Arg Ala Val Gly Ala Gln Ala Ser Val Gly Ser Arg
 35 40 45
 Ser Glu Gly Glu Gly Glu Ala Ala Ser Ala Asp Asp Gly Ser Leu Asn
 10 50 55 60
 Thr Ser Gly Ala Gly Pro Lys Ser Trp Gln Val Pro Pro Pro Ala Pro
 65 70 75 80
 Glu Val Gln Ile Arg Thr Pro Arg Val Asn Cys Pro Glu Lys Val Ile
 85 90 95
 15 Ile Cys Leu Asp Leu Ser Glu Glu Met Ser Leu Pro Lys Leu Glu Ser
 100 105 110
 Phe Asn Gly Ser Lys Thr Asn Ala Leu Asn Val Ser Gln Lys Met Ile
 115 120 125
 Glu Met Phe Val Arg Thr Lys His Lys Ile Asp Lys Ser His Glu Phe
 20 130 135 140
 Ala Leu Val Val Val Asn Asp Asp Thr Ala Trp Leu Ser Gly Leu Thr
 145 150 155 160
 Ser Asp Pro Arg Glu Leu Cys Ser Cys Leu Tyr Asp Leu Glu Thr Ala
 165 170 175
 25 Ser Cys Ser Thr Phe Asn Leu Glu Gly Leu Phe Ser Leu Ile Gln Gln
 180 185 190
 Lys Thr Glu Leu Pro Val Thr Glu Asn Val Gln Thr Ile Pro Pro Pro
 195 200 205

192/360

Tyr Val Val Arg Thr Ile Leu Val Tyr Ser Arg Pro Pro Cys Gln Pro
210 215 220
Gln Phe Ser Leu Thr Glu Pro Met Lys Lys Met Phe Gln Cys Pro Tyr
225 230 235 240
5 Phe Phe Phe Asp Val Val Tyr Ile His Asn Gly Thr Glu Glu Lys Glu
245 250 255
Glu Glu Met Ser Trp Lys Asp Met Phe Ala Phe Met Gly Ser Leu Asp
260 265 270
Thr Lys Gly Thr Ser Tyr Lys Tyr Glu Val Ala Leu Ala Gly Pro Ala
10 275 280 285
Leu Glu Leu His Asn Cys Met Ala Lys Leu Leu Ala His Pro Leu Gln
290 295 300
Arg Pro Cys Gln Ser His Ala Ser Tyr Ser Leu Leu Glu Glu Glu Asp
305 310 315 320
15 Glu Ala Ile Glu Val Glu Ala Thr Val
325

20 <210> 81
<211> 1543
<212> DNA
<213> Homo sapiens

25 <220>
<221> CDS
<222> (29).. (730)

193/360

<400> 81

gctctggggc gcgggcgatt tgtaggta atg gca ggc gtt cgg tca ctg agg 52

Met Ala Gly Val Arg Ser Leu Arg

1

5

5

tgt agc aga gga tgc gct ggc ggc tgt gag tgc ggc gac aag ggc aaa 100

Cys Ser Arg Gly Cys Ala Gly Gly Cys Glu Cys Gly Asp Lys Gly Lys

10

15

20

10 tgc agc gac tcc tcg ctg ttg ggc aag aga ctc tcc gaa gac tcg agc 148

Cys Ser Asp Ser Ser Leu Leu Gly Lys Arg Leu Ser Glu Asp Ser Ser

25

30

35

40

cgc cac cag ctg ttg cag aag tgg gcg agc atg tgg agc tcc atg agc 196

15 Arg His Gln Leu Leu Gln Lys Trp Ala Ser Met Trp Ser Ser Met Ser

45

50

55

gaa gac gcg tcg gtg gcc gac atg gag agg gcg cag ctg gag gag gag 244

Glu Asp Ala Ser Val Ala Asp Met Glu Arg Ala Gln Leu Glu Glu Glu

20

60

65

70

gcg gcg gct gcg gag gag agg ccg ctg gtg ttc ctg tgc tcc ggc tgc 292

Ala Ala Ala Ala Glu Glu Arg Pro Leu Val Phe Leu Cys Ser Gly Cys

75

80

85

25

cgg cgg ccg ctg ggc gac tcg ctg agc tgg gtg gcc agc cag gag gac 340

Arg Arg Pro Leu Gly Asp Ser Leu Ser Trp Val Ala Ser Gln Glu Asp

90

95

100

194/360

acc aac tgc atc ctg ctt cgc tgt gtt tcc tgt aat gtt tct gtg gat 388
 Thr Asn Cys Ile Leu Leu Arg Cys Val Ser Cys Asn Val Ser Val Asp
 105 110 115 120

5

aag gaa cag aag cta tcc aaa cgt gaa aag gaa aat ggt tgc gtc ctt 436
 Lys Glu Gln Lys Leu Ser Lys Arg Glu Lys Glu Asn Gly Cys Val Leu
 125 130 135

10

gag act ttg tgc tgc gcg ggg tgc tca ctc aat ctt ggc tac gtg tac 484
 Glu Thr Leu Cys Cys Ala Gly Cys Ser Leu Asn Leu Gly Tyr Val Tyr
 140 145 150

15

aga tgc acg ccc aag aat ctt gat tac aag aga gac ttg ttt tgc ctc 532
 Arg Cys Thr Pro Lys Asn Leu Asp Tyr Lys Arg Asp Leu Phe Cys Leu
 155 160 165

20

agt gtt gaa gcc att gaa agt tat gtt tta ggg tcc tot gaa aag caa 580
 Ser Val Glu Ala Ile Glu Ser Tyr Val Leu Gly Ser Ser Glu Lys Gln
 170 175 180

25

att gtg tca gaa gat aaa gag ctt ttt aat ctt gaa agc aga gtt gaa 628
 Ile Val Ser Glu Asp Lys Glu Leu Phe Asn Leu Glu Ser Arg Val Glu
 185 190 195 200

ata gaa aag tct cta aca cag atg gaa gat gtc ttg aaa gca tta caa 676
 Ile Glu Lys Ser Leu Thr Gln Met Glu Asp Val Leu Lys Ala Leu Gln
 205 210 215

195/360

atg aag ctg tgg gag gcc gaa tcc aaa ttg tcc ttt gcc act tgt aaa 724

Met Lys Leu Trp Glu Ala Glu Ser Lys Leu Ser Phe Ala Thr Cys Lys

220

225

230

5

agc tga actctagtct gtgtcctcca ttctgcccc gcccttcctc cccttatttg 780

Ser

ttaaatgaag caacatagtg agacgtcgtc tctacaaaa aaaaaagaaa aaaaaaaatt 840

10

agccaggcat gcgaaacgct gaggtgggag gatcagatga gcttgggagg ttgaggctgc 900

agtgagcctt ggtcatgcca ctactgcgtt ctagtctggg caacagagtg agaccttctc 960

15

tcaaaaaaaaa aaccctaaat tgtagaatta cttctatagc tatattttat gataaagaag 1020

tgattgtttc tcaaaatcgc attttaaaga cgttttatgg tacttgttgg aattgggact 1080

taggagtttt gatattgata agaaactggg atgattttct gaactttttt tcctctgtat 1140

20

cacatttatt tactattttt aaaaactttg acatttaaca ctgggacaa catttattat 1200

aatgataag aaaaatctta gaggtttgtc taccacagt gtcattgaat cttctctgaa 1260

25

aactaatcca taaagttccc tggagaaatt ggtcagaatg atctgtcaga accatttgaa 1320

aacttgctca agagcagttg cttatatata gtaggatttt actttttcct gcttatgtac 1380

196/360

tactatatgc ttaaaaaacc tggaggaata cttaccaaag aggagtaacc atctctgagg 1440

gtgggattct gggggaattt ttgttttttt ctgttttota taatgtgaaa cttttgtagt 1500

5 atgtattttt ctaattgaag agaataaaga ttaaaacaaa gtg 1543

<210> 82

<211> 233

10 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 82

Met Ala Gly Val Arg Ser Leu Arg Cys Ser Arg Gly Cys Ala Gly Gly

15 1 5 10 15

Cys Glu Cys Gly Asp Lys Gly Lys Cys Ser Asp Ser Ser Leu Leu Gly

20 25 30

Lys Arg Leu Ser Glu Asp Ser Ser Arg His Gln Leu Leu Gln Lys Trp

35 40 45

20 Ala Ser Met Trp Ser Ser Met Ser Glu Asp Ala Ser Val Ala Asp Met

50 55 60

Glu Arg Ala Gln Leu Glu Glu Glu Ala Ala Ala Ala Glu Glu Arg Pro

65 70 75 80

Leu Val Phe Leu Cys Ser Gly Cys Arg Arg Pro Leu Gly Asp Ser Leu

25 85 90 95

Ser Trp Val Ala Ser Gln Glu Asp Thr Asn Cys Ile Leu Leu Arg Cys

100 105 110

Val Ser Cys Asn Val Ser Val Asp Lys Glu Gln Lys Leu Ser Lys Arg

197/360

115 120 125
 Glu Lys Glu Asn Gly Cys Val Leu Glu Thr Leu Cys Cys Ala Gly Cys
 130 135 140
 Ser Leu Asn Leu Gly Tyr Val Tyr Arg Cys Thr Pro Lys Asn Leu Asp
 5 145 150 155 160
 Tyr Lys Arg Asp Leu Phe Cys Leu Ser Val Glu Ala Ile Glu Ser Tyr
 165 170 175
 Val Leu Gly Ser Ser Glu Lys Gln Ile Val Ser Glu Asp Lys Glu Leu
 180 185 190
 10 Phe Asn Leu Glu Ser Arg Val Glu Ile Glu Lys Ser Leu Thr Gln Met
 195 200 205
 Glu Asp Val Leu Lys Ala Leu Gln Met Lys Leu Trp Glu Ala Glu Ser
 210 215 220
 Lys Leu Ser Phe Ala Thr Cys Lys Ser
 15 225 230

<210> 83

<211> 1436

20 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

25 <222> (31).. (582)

<400> 83

acgtgaccca agccccagct tcgcgaggg atg gag ccg gaa gag ggg acg ccc 54

198/360

Met Glu Pro Glu Glu Gly Thr Pro

1

5

ttg tgg cgg ctg cag aag ctg ccg gcc gag ctg ggc ccg cag ctt ctt 102

5 Leu Trp Arg Leu Gln Lys Leu Pro Ala Glu Leu Gly Pro Gln Leu Leu

10

15

20

cac aaa ata att gat ggc att tgt ggt cga gct tat cct gtg tac caa 150

His Lys Ile Ile Asp Gly Ile Cys Gly Arg Ala Tyr Pro Val Tyr Gln

10 25

30

35

40

gat tat cac act gtt tgg gaa tca gaa gaa tgg atg cac gtt tta gaa 198

Asp Tyr His Thr Val Trp Glu Ser Glu Glu Trp Met His Val Leu Glu

45

50

55

15

gat att gcc aaa ttt ttc aaa gcc ata gtt ggt aaa aac tta cct gat 246

Asp Ile Ala Lys Phe Phe Lys Ala Ile Val Gly Lys Asn Leu Pro Asp

60

65

70

20 gaa gag ata ttt cag cag ttg aat cag ttg aat tca ctt cat caa gaa 294

Glu Glu Ile Phe Gln Gln Leu Asn Gln Leu Asn Ser Leu His Gln Glu

75

80

85

act atc atg aaa tgc gtg aaa agt agg aaa gat gaa atc aaa cag gct 342

25 Thr Ile Met Lys Cys Val Lys Ser Arg Lys Asp Glu Ile Lys Gln Ala

90

95

100

ctg tca aga gaa ata gtt gct att tcc tct gca cag cta cag gat ttt 390

Leu Ser Arg Glu Ile Val Ala Ile Ser Ser Ala Gln Leu Gln Asp Phe
 105 110 115 120

gat tgg cag gta aag ctt gca ctt tcc agt gac aag att gct gca tta 438
 5 Asp Trp Gln Val Lys Leu Ala Leu Ser Ser Asp Lys Ile Ala Ala Leu
 125 130 135

cga atg cca ctt tta agc ctg cat cta gat gta aaa gaa aat ggt gaa 486
 Arg Met Pro Leu Leu Ser Leu His Leu Asp Val Lys Glu Asn Gly Glu
 10 140 145 150

gta aaa cct tat tct att gaa atg agt aga gag gag ctg cag aat cta 534
 Val Lys Pro Tyr Ser Ile Glu Met Ser Arg Glu Glu Leu Gln Asn Leu
 155 160 165

15
 ata cag tcc ttg gaa gca gcg aat aag gtg gtc ctg cag ttg aaa taa 582
 Ile Gln Ser Leu Glu Ala Ala Asn Lys Val Val Leu Gln Leu Lys
 170 175 180

20 ctggaaatga tgaataccag tcctatcaga ttttattgct ccaacttata tggcagagtg 642

aatactgcgt gttcagaaac cttgtgatgt cttgactggt gcaccaggct gagaaagcag 702

caatattgat attataaaga taaaaattta tcaacattcc ttaacaggaa attacatggg 762
 25

tgagaggaaa tgcataaaat gaaagatgaa aaatctatag tagcagttta tattttcatg 822

attgttttgc ctcatattatt aaatatttga gaaatctttg gagatacata gttttattga 882

aagctaaaaa taggttctaa agtaatgtaa aaatataaag cacaaatata ctigaaatatt 942

gcttaaagaa ttgtgtgaat agcaacatat attatggata tatactttgt gatattttta 1002

5

aaaaataatt ttttcaaaga atgtataagc tgcatatata actcaggaga ttccatgtct 1062

ttctcatatt tcagaggaaa gattataaaa tataaaattt ctagagaac acctctttgt 1122

10 cagagataaa caagaacaaa tactctaaac ttatgtgaac agttttgagt ttatgaattc 1182

tagaaactaa aatcaagaat acagaaaaat gaaaataaca ttttacttct gcgcttctat 1242

gtttgggaaa cattgctctg ataaaaaata gctgtcatta tgcagtgtgt atattcaaat 1302

15

atgagataag actatgtaca catccacttt tgtaataaaa ctcaatattg aatacttttg 1362

gatgttaaat tcattggaaa aacaaaccat ttgtaacctc agttaacttt aacaacaagc 1422

20 attctgagca aatg

1436

<210> 84

<211> 183

25 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 84

201/360

Met Glu Pro Glu Glu Gly Thr Pro Leu Trp Arg Leu Gln Lys Leu Pro
 1 5 10 15
 Ala Glu Leu Gly Pro Gln Leu Leu His Lys Ile Ile Asp Gly Ile Cys
 20 25 30
 5 Gly Arg Ala Tyr Pro Val Tyr Gln Asp Tyr His Thr Val Trp Glu Ser
 35 40 45
 Glu Glu Trp Met His Val Leu Glu Asp Ile Ala Lys Phe Phe Lys Ala
 50 55 60
 Ile Val Gly Lys Asn Leu Pro Asp Glu Glu Ile Phe Gln Gln Leu Asn
 10 65 70 75 80
 Gln Leu Asn Ser Leu His Gln Glu Thr Ile Met Lys Cys Val Lys Ser
 85 90 95
 Arg Lys Asp Glu Ile Lys Gln Ala Leu Ser Arg Glu Ile Val Ala Ile
 100 105 110
 15 Ser Ser Ala Gln Leu Gln Asp Phe Asp Trp Gln Val Lys Leu Ala Leu
 115 120 125
 Ser Ser Asp Lys Ile Ala Ala Leu Arg Met Pro Leu Leu Ser Leu His
 130 135 140
 Leu Asp Val Lys Glu Asn Gly Glu Val Lys Pro Tyr Ser Ile Glu Met
 20 145 150 155 160
 Ser Arg Glu Glu Leu Gln Asn Leu Ile Gln Ser Leu Glu Ala Ala Asn
 165 170 175
 Lys Val Val Leu Gln Leu Lys
 180

25

<210> 85

<211> 1357

202/360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

5 <221> CDS

<222> (102).. (1244)

<400> 85

ggtttcgggc gagagggcca gaggagtggt ttacaccggc ggcagtgagg ccgggttcct 60

10

tccgcgggac ggggagaaaag agagagcggc aaagagagag g atg tct ctc tca gac 116

Met Ser Leu Ser Asp

1

5

15 tgg cac ctg gcg gtg aag ctg gct gac cag cca ctt act cca aag tct 164

Trp His Leu Ala Val Lys Leu Ala Asp Gln Pro Leu Thr Pro Lys Ser

10

15

20

att ctt cgg ttg cca gag aca gaa ctg gga gaa tac tcg cta ggg ggc 212

20 Ile Leu Arg Leu Pro Glu Thr Glu Leu Gly Glu Tyr Ser Leu Gly Gly

25

30

35

tat agt att tca ttt ctg aag cag ctt att gct ggc aaa ctc cag gag 260

Tyr Ser Ile Ser Phe Leu Lys Gln Leu Ile Ala Gly Lys Leu Gln Glu

25

40

45

50

tct gtt cca gac cct gag ctg att gat ctg atc tac tgt ggt cgg aag 308

Ser Val Pro Asp Pro Glu Leu Ile Asp Leu Ile Tyr Cys Gly Arg Lys

203/360

	55	60	65	
	cta aaa gat gac cag aca ctt gac ttc tat ggc att caa cct ggg tcc 356			
	Leu Lys Asp Asp Gln Thr Leu Asp Phe Tyr Gly Ile Gln Pro Gly Ser			
5	70	75	80	85
	act gtc cat gtt ctg cga aag tcc tgg cct gaa cct gat cag aaa ccg 404			
	Thr Val His Val Leu Arg Lys Ser Trp Pro Glu Pro Asp Gln Lys Pro			
	90	95	100	
10	gaa cct gtg gac aaa gtg gct gcc atg aga gag ttc cgg gtg ttg cac 452			
	Glu Pro Val Asp Lys Val Ala Ala Met Arg Glu Phe Arg Val Leu His			
	105	110	115	
15	act gcc ctg cac agc agc tcc tct tac agg gag gcg gtc ttt aag atg 500			
	Thr Ala Leu His Ser Ser Ser Ser Tyr Arg Glu Ala Val Phe Lys Met			
	120	125	130	
	ctc agc aat aag gag tct ctg gat cag atc att gtg gcc acc cca ggc 548			
20	Leu Ser Asn Lys Glu Ser Leu Asp Gln Ile Ile Val Ala Thr Pro Gly			
	135	140	145	
	ctc agc agt gac cct att gct ctt ggg gtt ctc cag gac aag gac ctc 596			
	Leu Ser Ser Asp Pro Ile Ala Leu Gly Val Leu Gln Asp Lys Asp Leu			
25	150	155	160	165
	ttc tct gtc ttc gct gat ccc aat atg ctt gat acg ttg gtg cct gct 644			
	Phe Ser Val Phe Ala Asp Pro Asn Met Leu Asp Thr Leu Val Pr Ala			

204/360

170

175

180

cac cca gcc ctc gtc aat gcc att gtc ctg gtt ctg cac tcc gta gca 692

His Pro Ala Leu Val Asn Ala Ile Val Leu Val Leu His Ser Val Ala

5

185

190

195

ggc agt gcc cca atg cct ggg act gac tcc tct tcc cgg agc atg ccc 740

Gly Ser Ala Pro Met Pro Gly Thr Asp Ser Ser Ser Arg Ser Met Pro

200

205

210

10

tcc agc tca tac cgg gat atg cca ggt ggc ttc ctg ttt gaa ggg ctc 788

Ser Ser Ser Tyr Arg Asp Met Pro Gly Gly Phe Leu Phe Glu Gly Leu

215

220

225

15 tca gat gat gag gat gac ttt cac cca aac acc agg tcc aca ccc tct 836

Ser Asp Asp Glu Asp Asp Phe His Pro Asn Thr Arg Ser Thr Pro Ser

230

235

240

245

agc agt act ccc agc tcc cgc cca gcc tcc ctg ggg tac agt gga gct 884

20 Ser Ser Thr Pro Ser Ser Arg Pro Ala Ser Leu Gly Tyr Ser Gly Ala

250

255

260

gct ggg ccc cgg ccc atc acc cag agt gag ctg gcc acc gcc ttg gcc 932

Ala Gly Pro Arg Pro Ile Thr Gln Ser Glu Leu Ala Thr Ala Leu Ala

25

265

270

275

ctg gcc agc act ccg gag agc agc tct cac aca ccg act cct ggc acc 980

Leu Ala Ser Thr Pro Glu Ser Ser Ser His Thr Pro Thr Pro Gly Thr

205/360

	280	285	290	
	cag ggt cat tcc tca ggg acc tca cca atg tcc tct ggt gtc cag tca			1028
	Gln Gly His Ser Ser Gly Thr Ser Pro Met Ser Ser Gly Val Gln Ser			
5	295	300	305	
	ggg acg ccc atc acc aat gat ctc ttc agc caa gcc cta cag cat gcc			1076
	Gly Thr Pro Ile Thr Asn Asp Leu Phe Ser Gln Ala Leu Gln His Ala			
	310	315	320	325
10				
	ctt cag gcc tct ggg cag ccc agc ctt cag agc cag tgg cag ccc cag			1124
	Leu Gln Ala Ser Gly Gln Pro Ser Leu Gln Ser Gln Trp Gln Pro Gln			
	330	335	340	
15				
	ctg cag cag cta cgt gac atg ggc atc cag gac gat gag ctg agc ctg			1172
	Leu Gln Gln Leu Arg Asp Met Gly Ile Gln Asp Asp Glu Leu Ser Leu			
	345	350	355	
	cgg gcc ctg cag gcc acc ggt ggg gac atc caa gca gcc ctg gag ctc			1220
20	Arg Ala Leu Gln Ala Thr Gly Gly Asp Ile Gln Ala Ala Leu Glu Leu			
	360	365	370	
	atc ttt gct gga gga gcc cca tga actccctgct tcccctgaac ccccagcaag			1274
	Ile Phe Ala Gly Gly Ala Pro			
25	375	380		
	ttgcagaggc tactgccctt gggaggcact catgaagtg cctccatctc tcccttcccc			1334

206/360

aatatacctg atggtcaact ctc

1357

<210> 86

5 <211> 380

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 86

10 Met Ser Leu Ser Asp Trp His Leu Ala Val Lys Leu Ala Asp Gln Pro
1 5 10 15
Leu Thr Pro Lys Ser Ile Leu Arg Leu Pro Glu Thr Glu Leu Gly Glu
20 25 30
Tyr Ser Leu Gly Gly Tyr Ser Ile Ser Phe Leu Lys Gln Leu Ile Ala
15 35 40 45
Gly Lys Leu Gln Glu Ser Val Pro Asp Pro Glu Leu Ile Asp Leu Ile
50 55 60
Tyr Cys Gly Arg Lys Leu Lys Asp Asp Gln Thr Leu Asp Phe Tyr Gly
65 70 75 80
20 Ile Gln Pro Gly Ser Thr Val His Val Leu Arg Lys Ser Trp Pro Glu
85 90 95
Pro Asp Gln Lys Pro Glu Pro Val Asp Lys Val Ala Ala Met Arg Glu
100 105 110
Phe Arg Val Leu His Thr Ala Leu His Ser Ser Ser Ser Tyr Arg Glu
25 115 120 125
Ala Val Phe Lys Met Leu Ser Asn Lys Glu Ser Leu Asp Gln Ile Ile
130 135 140
Val Ala Thr Pro Gly Leu Ser Ser Asp Pro Ile Ala Leu Gly Val Leu

207/360

145 150 155 160
 Gln Asp Lys Asp Leu Phe Ser Val Phe Ala Asp Pro Asn Met Leu Asp
 165 170 175
 Thr Leu Val Pro Ala His Pro Ala Leu Val Asn Ala Ile Val Leu Val
 5 180 185 190
 Leu His Ser Val Ala Gly Ser Ala Pro Met Pro Gly Thr Asp Ser Ser
 195 200 205
 Ser Arg Ser Met Pro Ser Ser Ser Tyr Arg Asp Met Pro Gly Gly Phe
 210 215 220
 10 Leu Phe Glu Gly Leu Ser Asp Asp Glu Asp Asp Phe His Pro Asn Thr
 225 230 235 240
 Arg Ser Thr Pro Ser Ser Ser Thr Pro Ser Ser Arg Pro Ala Ser Leu
 245 250 255
 Gly Tyr Ser Gly Ala Ala Gly Pro Arg Pro Ile Thr Gln Ser Glu Leu
 15 260 265 270
 Ala Thr Ala Leu Ala Leu Ala Ser Thr Pro Glu Ser Ser Ser His Thr
 275 280 285
 Pro Thr Pro Gly Thr Gln Gly His Ser Ser Gly Thr Ser Pro Met Ser
 290 295 300
 20 Ser Gly Val Gln Ser Gly Thr Pro Ile Thr Asn Asp Leu Phe Ser Gln
 305 310 315 320
 Ala Leu Gln His Ala Leu Gln Ala Ser Gly Gln Pro Ser Leu Gln Ser
 325 330 335
 Gln Trp Gln Pro Gln Leu Gln Gln Leu Arg Asp Met Gly Ile Gln Asp
 25 340 345 350
 Asp Glu Leu Ser Leu Arg Ala Leu Gln Ala Thr Gly Gly Asp Ile Gln
 355 360 365
 Ala Ala Leu Glu Leu Ile Phe Ala Gly Gly Ala Pro

370

375

380

5 <210> 87

<211> 1399

<212> DNA

<213> Homo sapiens

10 <220>

<221> GDS

<222> (74).. (856)

<400> 87

15 aaaaagcgga cccgcggacg gtggcgtaa gggaacgctg aggtcccgcg ctccccgacc 60

gaggatatatc tcc atg aat aac cta aat gat ccc cca aat tgg aat atc 109

Met Asn Asn Leu Asn Asp Pro Pro Asn Trp Asn Ile

1 5 10

20

cgg cct aat tcc agg gcg gat ggt ggt gat gga agc agg tgg aat tat 157

Arg Pro Asn Ser Arg Ala Asp Gly Gly Asp Gly Ser Arg Trp Asn Tyr

15 20 25

25 gcc ctg ttg gtt cca atg ctg gga ttg gct gct ttt cgt tgg att tgg 205

Ala Leu Leu Val Pro Met Leu Gly Leu Ala Ala Phe Arg Trp Ile Trp

30 35 40

209/360

tct agg gag tcc cag aaa gaa gta gaa aaa gag aga gaa gcc tac cgt 253

Ser Arg Glu Ser Gln Lys Glu Val Glu Lys Glu Arg Glu Ala Tyr Arg

45 50 55 60

5 cgg aga act gct gct ttt caa cag gat ctg gaa gcc aag tac cac gcc 301

Arg Arg Thr Ala Ala Phe Gln Gln Asp Leu Glu Ala Lys Tyr His Ala

65 70 75

atg atc tca gaa aat cgg cgt gct gtc gct cag ttg tcc ttg gaa ctc 349

10 Met Ile Ser Glu Asn Arg Arg Ala Val Ala Gln Leu Ser Leu Glu Leu

80 85 90

gaa aag gaa caa aac aga act gct agt tac cga gaa gcc ctt atc tct 397

Glu Lys Glu Gln Asn Arg Thr Ala Ser Tyr Arg Glu Ala Leu Ile Ser

15 95 100 105

cag gga cgc aag ttg gta gaa gaa aag aag ctt ctg gaa cag gaa cgg 445

Gln Gly Arg Lys Leu Val Glu Glu Lys Lys Leu Leu Glu Gln Glu Arg

110 115 120

20

gcc cag gtg atg caa gaa aaa aga cag gtg cag cct ttg aga agt gcg 493

Ala Gln Val Met Gln Glu Lys Arg Gln Val Gln Pro Leu Arg Ser Ala

125 130 135 140

25 tat ttg agc tgc ctg caa agg gaa gaa aac tgg caa agg aga gcc agg 541

Tyr Leu Ser Cys Leu Gln Arg Glu Glu Asn Trp Gln Arg Arg Ala Arg

145 150 155

210/360

ctt ttg ctg aaa gaa ttt gaa gct gtt ctc aca gaa aga cag aat atc 589
Leu Leu Leu Lys Glu Phe Glu Ala Val Leu Thr Glu Arg Gln Asn Ile
160 165 170

5 tac tgc agt ctg ttt ctt cct cgc agc aag cgg ctg gag ata gag aag 637
Tyr Cys Ser Leu Phe Leu Pro Arg Ser Lys Arg Leu Glu Ile Glu Lys
175 180 185

agc tta ctg gtg cga gcg tcc gtc gac ccc gtc gcc gct gac cta gag 685
10 Ser Leu Leu Val Arg Ala Ser Val Asp Pro Val Ala Ala Asp Leu Glu
190 195 200

atg gca gcc ggt ctc acc gac ata ttt cag cat gat aca tac tgt ggt 733
Met Ala Ala Gly Leu Thr Asp Ile Phe Gln His Asp Thr Tyr Cys Gly
15 205 210 215 220

gat gtc tgg aac acc aac aaa cgc cag aat ggc aga ctc atg tgg ctc 781
Asp Val Trp Asn Thr Asn Lys Arg Gln Asn Gly Arg Leu Met Trp Leu
225 230 235

20

tat ctc aaa tac tgg gaa ctc gtt gtc gaa ctg aag aag ttt aag aga 829
Tyr Leu Lys Tyr Trp Glu Leu Val Val Glu Leu Lys Lys Phe Lys Arg
240 245 250

25 gta gag gaa gcc ata cta gaa aag taa gacaagagtg aaatcaaact 876
Val Glu Glu Ala Ile Leu Glu Lys
255 260

211/360

gcttttagtg actcgaggcc aggcagtcac gcgccttctg ggtctccggc gtcttcggt 936

cccggtgctgc ccgtgtcatg gccacaccgt cacccttcag cagcgacctc cactcccgcc 996

5 accgtctgag cagaagtgca ccgaagcctc agagacagag ggtctcctcc cgatgctctg 1056

ccgctgttgg ggatatggtt tottgaagca tttttaggct gccagtattg tattaagcag 1116

aacagtataa cctcgtatth tagctccagg gtaaaaatgg ttttttaaaa agtcaaatac 1176

10

aatactggtc cttagcacia gtaattttct gtctgtttca tcactcccta aatactttct 1236

cctcaaatta tttttctctg tcaccagatt acattaagaa tttgtcagat aatgtgtaga 1296

15 actgcataac aggtaataga aagtagtaat attatattat caagggttta tatttttaaag 1356

atctctctca ctccataaag gggaaatacc aagtgtttct tgt 1399

20 <210> 88

<211> 260

<212> PRT

<213> Homo sapiens

25 <400> 88

Met Asn Asn Leu Asn Asp Pro Pro Asn Trp Asn Ile Arg Pro Asn Ser

1

5

10

15

Arg Ala Asp Gly Gly Asp Gly Ser Arg Trp Asn Tyr Ala Leu Leu Val

212/360

	20	25	30
	Pro Met Leu Gly Leu Ala Ala Phe Arg Trp Ile Trp Ser Arg Glu Ser		
	35	40	45
	Gln Lys Glu Val Glu Lys Glu Arg Glu Ala Tyr Arg Arg Arg Thr Ala		
5	50	55	60
	Ala Phe Gln Gln Asp Leu Glu Ala Lys Tyr His Ala Met Ile Ser Glu		
	65	70	75
	Asn Arg Arg Ala Val Ala Gln Leu Ser Leu Glu Leu Glu Lys Glu Gln		
	85	90	95
10	Asn Arg Thr Ala Ser Tyr Arg Glu Ala Leu Ile Ser Gln Gly Arg Lys		
	100	105	110
	Leu Val Glu Glu Lys Lys Leu Leu Glu Gln Glu Arg Ala Gln Val Met		
	115	120	125
	Gln Glu Lys Arg Gln Val Gln Pro Leu Arg Ser Ala Tyr Leu Ser Cys		
15	130	135	140
	Leu Gln Arg Glu Glu Asn Trp Gln Arg Arg Ala Arg Leu Leu Leu Lys		
	145	150	155
	Glu Phe Glu Ala Val Leu Thr Glu Arg Gln Asn Ile Tyr Cys Ser Leu		
	165	170	175
20	Phe Leu Pro Arg Ser Lys Arg Leu Glu Ile Glu Lys Ser Leu Leu Val		
	180	185	190
	Arg Ala Ser Val Asp Pro Val Ala Ala Asp Leu Glu Met Ala Ala Gly		
	195	200	205
	Leu Thr Asp Ile Phe Gln His Asp Thr Tyr Cys Gly Asp Val Trp Asn		
25	210	215	220
	Thr Asn Lys Arg Gln Asn Gly Arg Leu Met Trp Leu Tyr Leu Lys Tyr		
	225	230	235
	Trp Glu Leu Val Val Glu Leu Lys Lys Phe Lys Arg Val Glu Glu Ala		240

213/360

245

250

255

Ile Leu Glu Lys

260

5

<210> 89

<211> 1119

<212> DNA

10 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (152).. (976)

15

<400> 89

ttagctgctc aagctggaga actgtcttcc ttcccagctt cctccgtgct tgggggtgggg 60

gatggggggg tctcaggcag ggatactcta gccccttgac tgctgttag accctgctgt 120

20

agctgctgct gctccctgcc cagccccagc c atg aaa ctg ccc aag ggg acc 172

Met Lys Leu Pro Lys Gly Thr

1

5

25 agg agc tct gtg tac ttt gca cag cac cca gaa aag gag cca ttg ccc 220

Arg Ser Ser Val Tyr Phe Ala Gln His Pro Glu Lys Glu Pro Leu Pro

10

15

20

214/360

tca agg cag gag gtc aag cag acc cct gtc atc atg gcc aag atc aaa 268

Ser Arg Gln Glu Val Lys Gln Thr Pro Val Ile Met Ala Lys Ile Lys

25

30

35

5 ggt ccg ggg ccc gcc aag tac ctc cgg cca tcc tgc acg ggc tac ata 316

Gly Pro Gly Pro Ala Lys Tyr Leu Arg Pro Ser Cys Thr Gly Tyr Ile

40

45

50

55

gat cat gac atc tcc atg ttc aag gca cca gct tat acc ctg cat agc 364

10 Asp His Asp Ile Ser Met Phe Lys Ala Pro Ala Tyr Thr Leu His Ser

60

65

70

cgg cac tca gag aag cgg atg gtg tgc cac agc agc cct ggg cct tgc 412

Arg His Ser Glu Lys Arg Met Val Cys His Ser Ser Pro Gly Pro Cys

15

75

80

85

tat ctc ttg gat ccc aaa ata act cgg ttt gga atg tcc agc tgc ccg 460

Tyr Leu Leu Asp Pro Lys Ile Thr Arg Phe Gly Met Ser Ser Cys Pro

90

95

100

20

cag gtc ccc atg gag gag cgc atc tcc aac ctg cgc ctg aac ccc acc 508

Gln Val Pro Met Glu Glu Arg Ile Ser Asn Leu Arg Leu Asn Pro Thr

105

110

115

25 ctc gca tcc tgc cag tac tac ttt gag aag atc cac cca ccg ggg gaa 556

Leu Ala Ser Cys Gln Tyr Tyr Phe Glu Lys Ile His Pro Pro Gly Glu

120

125

130

135

215/360

cgc agg gct ccc cag tac acg ttt ggc tac cgg cgc cca tac aga gtg 604

Arg Arg Ala Pro Gln Tyr Thr Phe Gly Tyr Arg Arg Pro Tyr Arg Val

140

145

150

5 atg gac ctc aac ccg gct ccc aac cag tac cag atg cca ctc ttg ctg 652

Met Asp Leu Asn Pro Ala Pro Asn Gln Tyr Gln Met Pro Leu Leu Leu

155

160

165

ggg ccc aac acc cct gtc agc cga gct gct ccc tgc tac agt ctg gcc 700

10 Gly Pro Asn Thr Pro Val Ser Arg Ala Ala Pro Cys Tyr Ser Leu Ala

170

175

180

tcc agg gac aag aac tgg ttc tac aag gag gat gtg gca gga ggc cct 748

Ser Arg Asp Lys Asn Trp Phe Tyr Lys Glu Asp Val Ala Gly Gly Pro

15

185

190

195

gga cct acc acg tac gcc cga cct gag cca tcc atc tat cag aac cgc 796

Gly Pro Thr Thr Tyr Ala Arg Pro Glu Pro Ser Ile Tyr Gln Asn Arg

200

205

210

215

20

agc cct act tac agc atg gcc aag cgc ttc gcc tac cct ctg gac ctc 844

Ser Pro Thr Tyr Ser Met Ala Lys Arg Phe Ala Tyr Pro Leu Asp Leu

220

225

230

25 acg cca cgg cct ggc ccc ggc tcc cac gag gtc cag cag gtc act gtg 892

Thr Pro Arg Pro Gly Pro Gly Ser His Glu Val Gln Gln Val Thr Val

235

240

245

216/360

cac aag ccc cac atc cct gct ttc acc atg ggc atc aag cac tca ctc 940

His Lys Pro His Ile Pro Ala Phe Thr Met Gly Ile Lys His Ser Leu

250

255

260

5 cac ctg tgc cca ctg gtc atc gac att cgt gac tga ggccoctctt 986

His Leu Cys Pro Leu Val Ile Asp Ile Arg Asp

265

270

275

ggggcactca ctgcccctca tccccagaaa ttatttttct acaccaaatt gagcaatttg 1046

10

accaagattt ctagtagcag agccggtacc tgctgagtgt ccggcacaca gaagacatta 1106

gagatacatt ttc

1119

15

<210> 90

<211> 274

<212> PRT

<213> Homo sapiens

20

<400> 90

Met Lys Leu Pro Lys Gly Thr Arg Ser Ser Val Tyr Phe Ala Gln His

1

5

10

15

Pro Glu Lys Glu Pro Leu Pro Ser Arg Gln Glu Val Lys Gln Thr Pro

25

20

25

30

Val Ile Met Ala Lys Ile Lys Gly Pro Gly Pro Ala Lys Tyr Leu Arg

35

40

45

Pro Ser Cys Thr Gly Tyr Ile Asp His Asp Ile Ser Met Phe Lys Ala

217/360

50 55 60
 Pro Ala Tyr Thr Leu His Ser Arg His Ser Glu Lys Arg Met Val Cys
 65 70 75 80
 His Ser Ser Pro Gly Pro Cys Tyr Leu Leu Asp Pro Lys Ile Thr Arg
 5 85 90 95
 Phe Gly Met Ser Ser Cys Pro Gln Val Pro Met Glu Glu Arg Ile Ser
 100 105 110
 Asn Leu Arg Leu Asn Pro Thr Leu Ala Ser Cys Gln Tyr Tyr Phe Glu
 115 120 125
 10 Lys Ile His Pro Pro Gly Glu Arg Arg Ala Pro Gln Tyr Thr Phe Gly
 130 135 140
 Tyr Arg Arg Pro Tyr Arg Val Met Asp Leu Asn Pro Ala Pro Asn Gln
 145 150 155 160
 Tyr Gln Met Pro Leu Leu Leu Gly Pro Asn Thr Pro Val Ser Arg Ala
 15 165 170 175
 Ala Pro Cys Tyr Ser Leu Ala Ser Arg Asp Lys Asn Trp Phe Tyr Lys
 180 185 190
 Glu Asp Val Ala Gly Gly Pro Gly Pro Thr Thr Tyr Ala Arg Pro Glu
 195 200 205
 20 Pro Ser Ile Tyr Gln Asn Arg Ser Pro Thr Tyr Ser Met Ala Lys Arg
 210 215 220
 Phe Ala Tyr Pro Leu Asp Leu Thr Pro Arg Pro Gly Pro Gly Ser His
 225 230 235 240
 Glu Val Gln Gln Val Thr Val His Lys Pro His Ile Pro Ala Phe Thr
 25 245 250 255
 Met Gly Ile Lys His Ser Leu His Leu Cys Pro Leu Val Ile Asp Ile
 260 265 270
 Arg Asp

218/360

<210> 91

<211> 540

5 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

10 <222> (133).. (438)

<400> 91

ctagctttct gtgtgcttag gtgcccgagc tactgagggt ctaagtccgg gcagccgaag 60

15 agtgtggttag gtaacgggcc tcagcgcaag gggtcatttcg tcgtgggaa gggacggccc 120

tcgcccgcgg tg atg gtg gtt agc aag atg aac aaa gat gcg cag atg aga 171

Met Val Val Ser Lys Met Asn Lys Asp Ala Gln Met Arg

1

5

10

20

gca gcg att aac caa aag ttg ata gaa act gga gaa aga gaa cgc ctc 219

Ala Ala Ile Asn Gln Lys Leu Ile Glu Thr Gly Glu Arg Glu Arg Leu

15

20

25

25 aaa gag ttg ctg aga gct aaa tta att gaa tgt ggc tgg aag gat cag 267

Lys Glu Leu Leu Arg Ala Lys Leu Ile Glu Cys Gly Trp Lys Asp Gln

30

35

40

45

219/360

ttg aag gca cac tgt aaa gag gta att aaa gaa aaa gga cta gaa cac 315
Leu Lys Ala His Cys Lys Glu Val Ile Lys Glu Lys Gly Leu Glu His

50

55

60

5 gtt act gtt gat gac ttg gtg gct gaa atc act cca aaa ggc aga gcc 363
Val Thr Val Asp Asp Leu Val Ala Glu Ile Thr Pro Lys Gly Arg Ala

65

70

75

ctg gta cct gac agt gta aag aag gag ctc cta caa aga ata aga aca 411
10 Leu Val Pro Asp Ser Val Lys Lys Glu Leu Leu Gln Arg Ile Arg Thr

80

85

90

ttc ctt gct cag cat gcc agc ctt taa gattgaatta gattgtgttg 458
Phe Leu Ala Gln His Ala Ser Leu

15

95

100

ttgtggtttt atttctgaaa gtaaaacttg ccataaatta gaaaacaatt tcccaaaata 518

aaatccctttt ttgtatgatg gt 540

20

<210> 92

<211> 101

<212> PRT

25 <213> Homo sapiens

<400> 92

Met Val Val Ser Lys Met Asn Lys Asp Ala Gln Met Arg Ala Ala Ile

220/360

1 5 10 15
 Asn Gln Lys Leu Ile Glu Thr Gly Glu Arg Glu Arg Leu Lys Glu Leu
 20 25 30
 Leu Arg Ala Lys Leu Ile Glu Cys Gly Trp Lys Asp Gln Leu Lys Ala
 5 35 40 45
 His Cys Lys Glu Val Ile Lys Glu Lys Gly Leu Glu His Val Thr Val
 50 55 60
 Asp Asp Leu Val Ala Glu Ile Thr Pro Lys Gly Arg Ala Leu Val Pro
 65 70 75 80
 10 Asp Ser Val Lys Lys Glu Leu Leu Gln Arg Ile Arg Thr Phe Leu Ala
 85 90 95
 Gln His Ala Ser Leu
 100

15

<210> 93

<211> 1059

<212> DNA

<213> Homo sapiens

20

<220>

<221> CDS

<222> (33).. (869)

25 <400> 93

gagttcctag taaagtggcg ggagccgcag ct atg gag ccg cag gag gag aga 53

Met Glu Pro Gln Glu Glu Arg

1

5

221/360

gaa acg cag gtt gct gcg tgg tta aaa aaa ata ttt gga gat cat cct 101
Glu Thr Gln Val Ala Ala Trp Leu Lys Lys Ile Phe Gly Asp His Pro
10 15 20

5 att cca cag tat gag gtg aac cca cgg acc aca gag att tta cat cac 149
Ile Pro Gln Tyr Glu Val Asn Pro Arg Thr Thr Glu Ile Leu His His
25 30 35

10 ctt tca gaa cgc aac agg gtc cgg gac agg gat gtc tac ctg gta ata 197
Leu Ser Glu Arg Asn Arg Val Arg Asp Arg Asp Val Tyr Leu Val Ile
40 45 50 55

gag gac ttg aag cag aaa gca agt gaa tac gag tca gaa gcc aag tat 245
15 Glu Asp Leu Lys Gln Lys Ala Ser Glu Tyr Glu Ser Glu Ala Lys Tyr
60 65 70

ctt caa gac ctt ctc atg gag agt gtg aat ttt tcc ccc gcc aat ctc 293
Leu Gln Asp Leu Leu Met Glu Ser Val Asn Phe Ser Pro Ala Asn Leu
20 75 80 85

tct agc act ggt tcc agg tat ctg aat gct ttg gtt gac agt gcg gtg 341
Ser Ser Thr Gly Ser Arg Tyr Leu Asn Ala Leu Val Asp Ser Ala Val
90 95 100

25 gcc ctt gaa aca aag gat acc tcg cta gct agt ttt atc cct gca gtg 389
Ala Leu Glu Thr Lys Asp Thr Ser Leu Ala Ser Phe Ile Pro Ala Val
105 110 115

222/360

aat gat ttg acc tct gat ctc ttt cgt acc aaa tcc aaa agt gaa gaa 437

Asn Asp Leu Thr Ser Asp Leu Phe Arg Thr Lys Ser Lys Ser Glu Glu

120 125 130 135

5

atc aag att gaa ctg gaa aaa ctt gaa aaa aat tta act gca act tta 485

Ile Lys Ile Glu Leu Glu Lys Leu Glu Lys Asn Leu Thr Ala Thr Leu

140 145 150

10 gta tta gaa aaa tgt cta caa gag gat gtc aag aaa gca gag ttg cat 533

Val Leu Glu Lys Cys Leu Gln Glu Asp Val Lys Lys Ala Glu Leu His

155 160 165

ctg tct aca gaa agg gcc aaa gtt gat aat cgt cgt cag aac atg gac 581

15 Leu Ser Thr Glu Arg Ala Lys Val Asp Asn Arg Arg Gln Asn Met Asp

170 175 180

ttt cta aaa gca aag tca gag gaa ttc aga ttt gga atc aag gct gca 629

Phe Leu Lys Ala Lys Ser Glu Glu Phe Arg Phe Gly Ile Lys Ala Ala

20 185 190 195

gag gag caa ctt tca gcc aga ggc atg gat gct tct ctg tct cat cag 677

Glu Glu Gln Leu Ser Ala Arg Gly Met Asp Ala Ser Leu Ser His Gln

200 205 210 215

25

tcc tta gta gca cta tca gag aaa ctg gca aga tta aag caa cag act 725

Ser Leu Val Ala Leu Ser Glu Lys Leu Ala Arg Leu Lys Gln Gln Thr

220 225 230

223/360

ata cct ttg aag aaa aaa ttg gag tcc tat tta gac tta atg ccg aat 773

Ile Pro Leu Lys Lys Lys Leu Glu Ser Tyr Leu Asp Leu Met Pro Asn

235

240

245

5

ccg tct ctt gct caa gtg aaa att gaa gaa gca aag cga gaa cta gat 821

Pro Ser Leu Ala Gln Val Lys Ile Glu Glu Ala Lys Arg Glu Leu Asp

250

255

260

10 agc att gaa gct gaa ctt aca aga aga gta gac atg atg gaa ctg tga 869

Ser Ile Glu Ala Glu Leu Thr Arg Arg Val Asp Met Met Glu Leu

265

270

275

caaaagccaa ataaacatcc ttttccctaa caaagtaa tgaataggac tttacagagt 929

15

tctttttcct ctggcattt cctaataaca aaactttctg tgttcttaga ttacagaata 989

tcataattga tagaatatgg tttcttactg tgtgttgcac tttgtgccc aaatacatag 1049

20 ttttcatatt

1059

<210> 94

<211> 278

25 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 94

224/360

Met Glu Pro Gln Glu Glu Arg Glu Thr Gln Val Ala Ala Trp Leu Lys
 1 5 10 15
 Lys Ile Phe Gly Asp His Pro Ile Pro Gln Tyr Glu Val Asn Pro Arg
 20 25 30
 5 Thr Thr Glu Ile Leu His His Leu Ser Glu Arg Asn Arg Val Arg Asp
 35 40 45
 Arg Asp Val Tyr Leu Val Ile Glu Asp Leu Lys Gln Lys Ala Ser Glu
 50 55 60
 Tyr Glu Ser Glu Ala Lys Tyr Leu Gln Asp Leu Leu Met Glu Ser Val
 10 65 70 75 80
 Asn Phe Ser Pro Ala Asn Leu Ser Ser Thr Gly Ser Arg Tyr Leu Asn
 85 90 95
 Ala Leu Val Asp Ser Ala Val Ala Leu Glu Thr Lys Asp Thr Ser Leu
 100 105 110
 15 Ala Ser Phe Ile Pro Ala Val Asn Asp Leu Thr Ser Asp Leu Phe Arg
 115 120 125
 Thr Lys Ser Lys Ser Glu Glu Ile Lys Ile Glu Leu Glu Lys Leu Glu
 130 135 140
 Lys Asn Leu Thr Ala Thr Leu Val Leu Glu Lys Cys Leu Gln Glu Asp
 20 145 150 155 160
 Val Lys Lys Ala Glu Leu His Leu Ser Thr Glu Arg Ala Lys Val Asp
 165 170 175
 Asn Arg Arg Gln Asn Met Asp Phe Leu Lys Ala Lys Ser Glu Glu Phe
 180 185 190
 25 Arg Phe Gly Ile Lys Ala Ala Glu Glu Gln Leu Ser Ala Arg Gly Met
 195 200 205
 Asp Ala Ser Leu Ser His Gln Ser Leu Val Ala Leu Ser Glu Lys Leu
 210 215 220

225/360

Ala Arg Leu Lys Gln Gln Thr Ile Pro Leu Lys Lys Lys Leu Glu Ser

225 230 235 240

Tyr Leu Asp Leu Met Pro Asn Pro Ser Leu Ala Gln Val Lys Ile Glu

245 250 255

5 Glu Ala Lys Arg Glu Leu Asp Ser Ile Glu Ala Glu Leu Thr Arg Arg

260 265 270

Val Asp Met Met Glu Leu

275

10

<210> 95

<211> 782

<212> DNA

15 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103).. (384)

20

<400> 95

ggaaggaaac cgctcccgag cacggcggcg gcgtcgtctc ccggcagtgc agctgccgct 60

accgccgccc tctgcccgcc ggcccgtctg tctaccccca gc atg agc ggc ctg 114

25

Met Ser Gly Leu

1

cgc gtc tac agc acg tcg gtc acc ggc tcc cgc gaa atc aag tcc cag 162

226/360

Arg Val Tyr Ser Thr Ser Val Thr Gly Ser Arg Glu Ile Lys Ser Gln

5 10 15 20

cag agc gag gtg acc cga atc ctg gat ggg aag cgc atc caa tac cag 210

5 Gln Ser Glu Val Thr Arg Ile Leu Asp Gly Lys Arg Ile Gln Tyr Gln

25 30 35

cta gtg gac atc tcc cag gac aac gcc ctg agg gat gag atg cga gcc 258

Leu Val Asp Ile Ser Gln Asp Asn Ala Leu Arg Asp Glu Met Arg Ala

10 40 45 50

ttg gca ggc aac ccc aag gcc acc cca ccc cag att gtc aac ggg gac 306

Leu Ala Gly Asn Pro Lys Ala Thr Pro Pro Gln Ile Val Asn Gly Asp

55 60 65

15

cag tac tgt ggg gac tat gag ctc ttc gtg gag gct gtg gaa caa aac 354

Gln Tyr Cys Gly Asp Tyr Glu Leu Phe Val Glu Ala Val Glu Gln Asn

70 75 80

20 acg ctg cag gag ttc ctg aag ctg gct tga gtcaagcctg tccagagttc 404

Thr Leu Gln Glu Phe Leu Lys Leu Ala

85 90

ccctgctgga ctccatcacc acactccccc cagccttcac ctggccatga aggacctttt 464

25

gaccaactcc ctgtcattcc taacctaac ttagagtccc tccccaatg caggccactt 524

ctcctccctc ctctctaaat gtagtcccct ctctccatc taaaggcaac attccttacc 584

227/360

cattagtctc agaaattgtc ttaagcaaca gcccacaaatg ctggctgccc ccagccaagc 644

attggggccg ccatcctgcc tggcactggc tgatgggcac ctctgttggt tccatcagcc 704

5

agagctctgc caaaggcccc gcagtccctc tcccaggagg accctagagg caattaaatg 764

atgtcctggt ccattggc

782

10

<210> 96

<211> 93

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15

<400> 96

Met Ser Gly Leu Arg Val Tyr Ser Thr Ser Val Thr Gly Ser Arg Glu

1 5 10 15

Ile Lys Ser Gln Gln Ser Glu Val Thr Arg Ile Leu Asp Gly Lys Arg

20 25 30

Ile Gln Tyr Gln Leu Val Asp Ile Ser Gln Asp Asn Ala Leu Arg Asp

35 40 45

Glu Met Arg Ala Leu Ala Gly Asn Pro Lys Ala Thr Pro Pro Gln Ile

50 55 60

25 Val Asn Gly Asp Gln Tyr Cys Gly Asp Tyr Glu Leu Phe Val Glu Ala

65 70 75 80

Val Glu Gln Asn Thr Leu Gln Glu Phe Leu Lys Leu Ala

85 90

228/360

<210> 97

<211> 417

5 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

10 <222> (22).. (195)

<400> 97

ctagagcgcc gcggccccga g atg aag cgg gcg gtg gac gag atg ttc ccc 51

Met Lys Pro Ala Val Asp Glu Met Phe Pro

15 1 5 10

gag ggc gcc ggg ccc tac gtg gac ctg gac gag gcg gga ggc agc acc 99

Glu Gly Ala Gly Pro Tyr Val Asp Leu Asp Glu Ala Gly Gly Ser Thr

15 20 25

20

ggg ctc ttg atg gac ttg gca gcc aat gaa aag gcc gtt cat gca gac 147

Gly Leu Leu Met Asp Leu Ala Ala Asn Glu Lys Ala Val His Ala Asp

30 35 40

25 ttt ttt aac gat ttt gaa gat ctt ttt gat gat gat gac atc cag tga 195

Phe Phe Asn Asp Phe Glu Asp Leu Phe Asp Asp Asp Ile Gln

45 50 55

229/360

gatgccctct ggctgcaggc ggggcccaagc ccttggtaca gagccgcagt gtgagcctgc 255

gcaggacagt ttcaggtggt tttaaagaac acgtggaaat cccttgaatt taggacctgg 315

5 ttaaccagaa agataagact gttcttaacg acctagatga ttctgttcat ctctgaacgg 375

gatcaggttt tgtcctcact ccaattaaaa gaaagcaatg tc 417

10 <210> 98

<211> 57

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15 <400> 98

Met Lys Pro Ala Val Asp Glu Met Phe Pro Glu Gly Ala Gly Pro Tyr

1 5 10 15

Val Asp Leu Asp Glu Ala Gly Gly Ser Thr Gly Leu Leu Met Asp Leu

20 25 30

20 Ala Ala Asn Glu Lys Ala Val His Ala Asp Phe Phe Asn Asp Phe Glu

35 40 45

Asp Leu Phe Asp Asp Asp Asp Ile Gln

50 55

25

<210> 99

<211> 697

<212> DNA

230/360

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

5 <222> (65).. (412)

<400> 99

aagacatttc ctgctcggaa ccttggttac taatttccac tgctttaag gccctgact 60

10 gaaa atg caa gct cag gcg ccg gtg gtc gtt gtg acc caa cct gga gtc 109

Met Gln Ala Gln Ala Pro Val Val Val Val Thr Gln Pro Gly Val

1 5 10 15

ggc ccc ggt ccg gcc ccc cag aac tcc aac tgg cag aca ggc atg tgt 157

15 Gly Pro Gly Pro Ala Pro Gln Asn Ser Asn Trp Gln Thr Gly Met Cys

20 25 30

gac tgt ttc agc gac tgc gga gtc tgt ctc tgt ggc aca ttt tgt ttc 205

Asp Cys Phe Ser Asp Cys Gly Val Cys Leu Cys Gly Thr Phe Cys Phe

20 35 40 45

ccg tgc ctt ggg tgt caa gtt gca gct gat atg aat gaa tgc tgt ctg 253

Pro Cys Leu Gly Cys Gln Val Ala Ala Asp Met Asn Glu Cys Cys Leu

50 55 60

25

tgt gga aca agc gtc gca atg agg act ctc tac agg acc cga tat ggc 301

Cys Gly Thr Ser Val Ala Met Arg Thr Leu Tyr Arg Thr Arg Tyr Gly

65 70 75

231/360

atc cct gga tct att tgt gat gac tat atg gca act ctt tgc tgt cct 349

Ile Pro Gly Ser Ile Cys Asp Asp Tyr Met Ala Thr Leu Cys Cys Pro

80

85

90

95

5

cat tgt act ctt tgc caa atc aag aga gat atc aac aga agg aga gcc 397

His Cys Thr Leu Cys Gln Ile Lys Arg Asp Ile Asn Arg Arg Arg Ala

100

105

110

10 atg cgt act ttc taa aaactgatgg tgaaaagctc ttaccgaagc aacaaaattc 452

Met Arg Thr Phe

115

agcagacacc tcttcagctt gagttcttca ccattctttg caactgaaat atgatggata 512

15

tgcttaagta caactgatgg catgaaaaaa atcaaatttt tgatttatta taaatgaatg 572

ttgtccctga acttagctaa atgggtgcaac ttagtttctc cttgctttca tattatcgaa 632

20 tttcctggct tataaacttt ttaaattaca ttgaaatat aaaccaaag aaatatttta 692

ctgat

697

25 <210> 100

<211> 115

<212>. PRT

<213> H mo sapiens

232/360

<400> 100

Met Gln Ala Gln Ala Pro Val Val Val Val Thr Gln Pro Gly Val Gly

1

5

10

15

5 Pro Gly Pro Ala Pro Gln Asn Ser Asn Trp Gln Thr Gly Met Cys Asp

20

25

30

Cys Phe Ser Asp Cys Gly Val Cys Leu Cys Gly Thr Phe Cys Phe Pro

35

40

45

Cys Leu Gly Cys Gln Val Ala Ala Asp Met Asn Glu Cys Cys Leu Cys

10

50

55

60

Gly Thr Ser Val Ala Met Arg Thr Leu Tyr Arg Thr Arg Tyr Gly Ile

65

70

75

80

Pro Gly Ser Ile Cys Asp Asp Tyr Met Ala Thr Leu Cys Cys Pro His

85

90

95

15 Cys Thr Leu Cys Gln Ile Lys Arg Asp Ile Asn Arg Arg Arg Ala Met

100

105

110

Arg Thr Phe

115

20

<210> 101

<211> 1504

<212> DNA

25 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (462).. (794)

<400> 101

tccgtctgtt ggggggcgaa caogccgagg tcctcgttgt ggtgagcgca gccactcagg 60

5

ctggtcctgg ggggtggggct gtaggggaaa gtgctaaagc cgctgagggt cagtggctca 120

cgctgtaat ccagcactt tgggaggcca aggcagggtg atcacctgag gtggggagtt 180

10 caagaccagc ctgaccaaca tggagaaacc ccatctctac tagaaatata aaattagcca 240

ggcatggtgg tgcctgcctg taatcccagc tactcgggag gctgaagcag gagaatcgct 300

taaattccggg aggcggagggt tgctgtgagc cgagatcgcg ccatttcag cctgggcaac 360

15

aagagggaaa ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaga agagaaaaga aaacataagt 420

ttcagccagg catgtgaagt aagaactctg ctagagagga a atg gct gct tca tca 476

Met Ala Ala Ser Ser

20

1

5

tca tcc tcc tca gct ggt ggg gtc agt gga agt tct gtc act gga tct 524

Ser Ser Ser Ser Ala Gly Gly Val Ser Gly Ser Ser Val Thr Gly Ser

10

15

20

25

ggt ttc agt gtc tca gac ctt gcc cca cca cgg aaa gcc ctt ttc acc 572

Gly Phe Ser Val Ser Asp Leu Ala Pr Pro Arg Lys Ala Leu Ph Thr

25

30

35

234/360

tac ccc aaa gga gct gga gag atg tta gaa gat ggc tct gag aga ttc 620

Tyr Pro Lys Gly Ala Gly Glu Met Leu Glu Asp Gly Ser Glu Arg Phe

40

45

50

5

ctc tgc gaa tct gtt ttt agc tat caa gtg gca tcc acg ctt aaa cag 668

Leu Cys Glu Ser Val Phe Ser Tyr Gln Val Ala Ser Thr Leu Lys Gln

55

60

65

10 gtg aaa cat gat cag caa gtt gct cgg atg gaa aaa cta gct ggt ttg 716

Val Lys His Asp Gln Gln Val Ala Arg Met Glu Lys Leu Ala Gly Leu

70

75

80

85

gta gaa gag ctg gag gct gac gag tgg cgg ttt aag ccc atc gag cag 764

15 Val Glu Glu Leu Glu Ala Asp Glu Trp Arg Phe Lys Pro Ile Glu Gln

90

95

100

ctg ctg gga ttc acc ccc tct tca ggt tga tactgcctgg atggtcacct 814

Leu Leu Gly Phe Thr Pro Ser Ser Gly

20

105

110

ctggtgcgca gcaagtgcaa agccagtggg ggactttctc acagcttaca tagccatcca 874

gagatccaca gctacgtcac tgaattgtta atgcacattt gtacttggtt tctctgtatc 934

25

tattcacagg caacaaatac ttatatgtgt gatctttcag ggaatgtttt gtttatttgt 994

ttttaaaagt attgggaatc agattaagac aatcagtttc agagaaccag gaggtttggg 1054

235/360

gttaagagat actcaaaaat tttcacaagc caagtagggc atatatcaga tttggccaac 1114

tgaatggcgt ctgtcctgtc atccatatgg tgccctggaaa tatttaccag tcaaggtcaa 1174

5

ggtcagcatc tgtgggttaa aatatagcat tctgacctaa aaaagttatt ttgcagatga 1234

atgtgttttc aactcaggac ctatccaaat gaggaatttt taaatattct tttttttttc 1294

10 ctatttttag acatcaattc tatagattct gactttttct aacctottat agacatgccca 1354

aatgctggca aaaagaagtg ctttttggat atggcagcac ttgtaaaaat aaagcagtaa 1414

gcaaaatcct tttaaacaca gaaatcctga gttcttctca ttggtggact caagcaattc 1474

15

tgtagcaa ataatccttg aaagagctcc 1504

<210> 102

20 <211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 102

25 Met Ala Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ala Gly Gly Val Ser Gly Ser

1

5

10

15

Ser Val Thr Gly Ser Gly Phe Ser Val Ser Asp Leu Ala Pro Pro Arg

20

25

30

236/360

Lys Ala Leu Phe Thr Tyr Pro Lys Gly Ala Gly Glu Met Leu Glu Asp
35 40 45
Gly Ser Glu Arg Phe Leu Cys Glu Ser Val Phe Ser Tyr Gln Val Ala
50 55 60
5 Ser Thr Leu Lys Gln Val Lys His Asp Gln Gln Val Ala Arg Met Glu
65 70 75 80
Lys Leu Ala Gly Leu Val Glu Glu Leu Glu Ala Asp Glu Trp Arg Phe
85 90 95
Lys Pro Ile Glu Gln Leu Leu Gly Phe Thr Pro Ser Ser Gly
10 100 105 110

<210> 103

15 <211> 1046

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

20 <221> CDS

<222> (124).. (525)

<400> 103

tcgaggacat gatgacgtga ccctgagtgcc ctggagccgt ctcctgattg ttcctcattt 60

25

ctgtttgtct gcttgcaactt ctggatcctg actgcccattg ggaggcatca gaccttcctt 120

ggg atg tgg tgt ggc tgt gat ggg aac ctg agt gtc cag acc tat tta 168

237/360

Met Trp Cys Gly Cys Asp Gly Asn Leu Ser Val Gln Thr Tyr Leu

1 5 10 15

ccg att gct cgt ggt ggg atc cct gcc ttc ctc ctc tgc ttg acc ccg 216

5 Pro Ile Ala Arg Gly Gly Ile Pro Ala Phe Leu Leu Cys Leu Thr Pro

20 25 30

ggt gtc cac gaa tgg tgt cct gac cct ctt ggg acg ctg aat gcc tgg 264

Gly Val His Glu Trp Cys Pro Asp Pro Leu Gly Thr Leu Asn Ala Trp

10 35 40 45

agc tgt ctc gtg cct gct cgt ggt gcg atc ctt gtc ttc ctc cag tgc 312

Ser Cys Leu Val Pro Ala Arg Gly Ala Ile Leu Val Phe Leu Gln Cys

50 55 60

15

tgg tcc cgg tcc gtc cat ggg cag agt cag gct gtt cat gag tgc tca 360

Trp Ser Arg Ser Val His Gly Gln Ser Gln Ala Val His Glu Cys Ser

65 70 75

20 cct ggt aga ggg aag acc ctg aac gtc cag acc gtt ccc ctg acc ggc 408

Pro Gly Arg Gly Lys Thr Leu Asn Val Gln Thr Val Pro Leu Thr Gly

80 85 90 95

cac gtg tgg act ctt ggt ggc tct gct gtc tca gcc cag cct ttc cgt 456

25 His Val Trp Thr Leu Gly Gly Ser Ala Val Ser Ala Gln Pro Phe Arg

100 105 110

ggc ctg aca ctg att gtg tgt ctg agt ttt ctg aat gtc cct cac tgt 504

238/360

Gly Leu Thr Leu Ile Val Cys Leu Ser Phe Leu Asn Val Pr His Cys

115

120

125

cac tgg cct gac tac cgc tag acccccgggtg tccacgatcg ctgactgcag 555

5 His Trp Pro Asp Tyr Arg

130

atgaagcttg cccgcgcccc gtggctgagt gtctggagct gtctgctgac tgctggtggc 615

10 cggatccatg tctttctcct ggacttgatc ttgcctgttc atgggatgat gcagtctgtc 675

cacgagagga agtctctgcg tgacgagtgc ctgattgtct ggagctgtct gcagagtgcc 735

catgactggc tctgtcttca tcatgggacc tgggggtgtct ggagccatct ctgactgtct 795

15

cccacgcaga tccatgatgg tttctggaag ccgacccaga gtgcctctca gagtcttctg 855

agtgtccctc actgtccctg tcttggtctaa ctctggatcc cctacgcttt ctgttctctg 915

20 actcctgcaa tggtagctgg ctgtatttt catgtcttga cctgttcact tgagatgatg 975

atttgccatc agatgacctt gatctttcat atatittgtt ttcttctaata agactatcag 1035

tggtgtcata g

1046

25

<210> 104

<211> 133

239/360

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 104

5 Met Trp Cys Gly Cys Asp Gly Asn Leu Ser Val Gln Thr Tyr Leu Pro
1 5 10 15
Ile Ala Arg Gly Gly Ile Pro Ala Phe Leu Leu Cys Leu Thr Pro Gly
20 25 30
Val His Glu Trp Cys Pro Asp Pro Leu Gly Thr Leu Asn Ala Trp Ser
10 35 40 45
Cys Leu Val Pro Ala Arg Gly Ala Ile Leu Val Phe Leu Gln Cys Trp
50 55 60
Ser Arg Ser Val His Gly Gln Ser Gln Ala Val His Glu Cys Ser Pro
65 70 75 80
15 Gly Arg Gly Lys Thr Leu Asn Val Gln Thr Val Pro Leu Thr Gly His
85 90 95
Val Trp Thr Leu Gly Gly Ser Ala Val Ser Ala Gln Pro Phe Arg Gly
100 105 110
Leu Thr Leu Ile Val Cys Leu Ser Phe Leu Asn Val Pro His Cys His
20 115 120 125
Trp Pro Asp Tyr Arg
130

25

<210> 105

<211> 341

<212> DNA

240/360

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

5 <222> (55).. (261)

<400> 105

ctttttttt cggggtcgag tccgaggggg aagaggttg ttaatacgtt cgcc atg 57

Met

10

1

tgc tac gat ctt ggg acg aac tga gcc acg agc gtg gct ttg agg gcc 105

Cys Tyr Asp Leu Gly Thr Asn Xaa Ala Thr Ser Val Ala Leu Arg Ala

5

10

15

15

gtc cga acg ctg cag gcc ggc cag gtc cct ggg cgt cca ggc ctg gcc 153

Val Arg Thr Leu Gln Ala Gly Gln Val Pro Gly Arg Pro Gly Leu Ala

20

25

30

20

tac gca cca ctt tgt ccc tta gcg ttt aaa ggt ttc ttc ccg aat ctc 201

Tyr Ala Pro Leu Cys Pro Leu Ala Phe Lys Gly Phe Phe Pro Asn Leu

35

40

45

agg ccc tca gct acc tgc agg ttt cgt cgc gag ccg gct gca agt ttt 249

25

Arg Pro Ser Ala Thr Cys Arg Phe Arg Arg Glu Pro Ala Ala Ser Phe

50

55

60

65

gaa cct aag taa acctcaatcc ggagggccta gcggttaaggt gggcgctgtg 301

241/360

Glu Pro Lys

tctattgagg tgcttagcaa taaagaaagg tagtgagttg

341

5

<210> 106

<211> 68

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10

<220>

<221>

<222> 9

<223> selenocysteine

15

<400> 106

Met Cys Tyr Asp Leu Gly Thr Asn Xaa Ala Thr Ser Val Ala Leu Arg

1 5 10 15

Ala Val Arg Thr Leu Gln Ala Gly Gln Val Pro Gly Arg Pro Gly Leu

20 20 25 30

Ala Tyr Ala Pro Leu Cys Pro Leu Ala Phe Lys Gly Phe Phe Pro Asn

35 40 45

Leu Arg Pro Ser Ala Thr Cys Arg Phe Arg Arg Glu Pro Ala Ala Ser

50 55 60

25 Phe Glu Pro Lys

65

242/360

<210> 107

<211> 1684

<212> DNA

<213> Homo sapiens

5

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(1011)

10 <400> 107

ttctctcgtg ca atg gcg tcc ggg ctg gta aga ttg ctg cag cag gga cat 51

Met Ala Ser Gly Leu Val Arg Leu Leu Gln Gln Gly His

1

5

10

15 cgc tgc ctc ctg gct cca gtc gcc ccc aag ctg gtc cct ccg gtt cgg 99

Arg Cys Leu Leu Ala Pro Val Ala Pro Lys Leu Val Pro Pro Val Arg

15

20

25

gga gtg aag aag gga ttc cgc gcc gcc ttc cgc ttc cag aag gag tta 147

20 Gly Val Lys Lys Gly Phe Arg Ala Ala Phe Arg Phe Gln Lys Glu Leu

30

35

40

45

gag cgg cag cgc ctt ctg cgg tgc ccg ccg ccg ccc gtg cgc cgt tca 195

Glu Arg Gln Arg Leu Leu Arg Cys Pro Pro Pro Pro Val Arg Arg Ser

25

50

55

60

gag aag ccg aac tgg gat tac cat gca gaa ata caa gct ttt gga cat 243

Glu Lys Pro Asn Trp Asp Tyr His Ala Glu Ile Gln Ala Phe Gly His

243/360

	65	70	75	
	cgg tta cag gaa aac ttt tcc tta gat ctt ctc aaa act gca ttt gtt			291
	Arg Leu Gln Glu Asn Phe Ser Leu Asp Leu Leu Lys Thr Ala Phe Val			
5	80	85	90	
	aat agc tgc tat att aaa agt gag gag gcc aaa cgc caa caa ctt ggg			339
	Asn Ser Cys Tyr Ile Lys Ser Glu Glu Ala Lys Arg Gln Gln Leu Gly			
	95	100	105	
10				
	ata gag aaa gaa gct gtt ctt ctg aat ctt aaa agt aat caa gaa cta			387
	Ile Glu Lys Glu Ala Val Leu Leu Asn Leu Lys Ser Asn Gln Glu Leu			
	110	115	120	125
15	tcc gaa caa ggg aca tct ttt tca cag act tgc ctt aca cag ttt ctt			435
	Ser Glu Gln Gly Thr Ser Phe Ser Gln Thr Cys Leu Thr Gln Phe Leu			
	130	135	140	
	gaa gac gag tac cca gac atg ccc act gaa ggc ata aaa aat ctt gtt			483
20	Glu Asp Glu Tyr Pro Asp Met Pro Thr Glu Gly Ile Lys Asn Leu Val			
	145	150	155	
	gac ttt ctc act ggt gag gaa gtc gtg tgt cac gtg gct aga aac ttg			531
	Asp Phe Leu Thr Gly Glu Glu Val Val Cys His Val Ala Arg Asn Leu			
25	160	165	170	
	gct gtg gag cag tta aca ctg agt gaa gaa ttc cca gtg ccc cca gct			579
	Ala Val Glu Gln Leu Thr Leu Ser Glu Glu Phe Pro Val Pro Pro Ala			

244/360

175

180

185

gtg tta cag cag act ttc ttt gca gtt att gga gcc ctg tta cag agc 627

Val Leu Gln Gln Thr Phe Phe Ala Val Ile Gly Ala Leu Leu Gln Ser

5 190

195

200

205

agt gga cct gag agg act gca ctt ttc atc agg gac ttc tta att act 675

Ser Gly Pro Glu Arg Thr Ala Leu Phe Ile Arg Asp Phe Leu Ile Thr

210

215

220

10

caa atg act gga aaa gag ctc ttt gag atg tgg aag ata ata aat ccc 723

Gln Met Thr Gly Lys Glu Leu Phe Glu Met Trp Lys Ile Ile Asn Pro

225

230

235

15 atg ggg cta ttg gta gaa gaa ctg aag aaa agg aat gtt tca gct cct 771

Met Gly Leu Leu Val Glu Glu Leu Lys Lys Arg Asn Val Ser Ala Pro

240

245

250

gaa tca aga ctt act agg cag tct ggt ggc acc aca gct ttg cct ttg 819

20 Glu Ser Arg Leu Thr Arg Gln Ser Gly Gly Thr Thr Ala Leu Pro Leu

255

260

265

tat ttt gtt ggc tta tac tgt gat aaa aag ttg att gca gaa gga cct 867

Tyr Phe Val Gly Leu Tyr Cys Asp Lys Lys Leu Ile Ala Glu Gly Pro

25 270

275

280

285

ggg gaa aca gta ttg gtt gca gaa gaa gag gct gct cga gtg gcc ctt 915

Gly Glu Thr Val Leu Val Ala Glu Glu Glu Ala Ala Arg Val Ala Leu

245/360

290

295

300

aga aaa ctt tat gga ttc aca gaa aat aga cgg ccg tgg aac tat tcc 963

Arg Lys Leu Tyr Gly Phe Thr Glu Asn Arg Arg Pro Trp Asn Tyr Ser

5

305

310

315

aag ccc aaa gaa acc ttg aga gca gaa aag ago atc act gcc agc tag 1011

Lys Pro Lys Glu Thr Leu Arg Ala Glu Lys Ser Ile Thr Ala Ser

320

325

330

10

ccgccatgga tgcagcagcc tgaaacttga gagcgaaagt gagataaatg tcaaagggtg 1071

ttcaagccag acattttcac aattgtgaag aaatagatgt tttgtttctg ttttttactg 1131

15

tgttcccaaa attaaataaa tgtaaaccac gtcacagtgt ttttggtttt gtttttctga 1191

aatcttggtt tgatcaaatac tttttttttt tctcttgaga tggagtctta ctctgtcgcc 1251

caggctggac tgcagtgggtg cgatctcggc tcaactgcaac ctccacctca caggttcaag 1311

20

cgattctcgt ggctcagcct ccctagtagc tgggattaca ggcacacacc accataacctg 1371

gctaattttt gtatttttgg tagacatggg gtttcaccaa gttggctagg ctagtcttga 1431

25

actcctgacc tcaggtgatc caccgcctt ggccctccaa agtgctggga ttacaggtgt 1491

gagccactat acccgaccag atcaaattctt tttttgacat ttttgcaaaa aaattttcct 1551

aatgttcttg atttaattgt atagaatttg tataattagg tgtattttat ttgcgtctag 1611

cttgaggta tcataattta tgtatcttat gtgaattttt tgctgtaata ccaataaagt 1671

5 tttttttctc cac

1684

<210> 108

<211> 332

10 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 108

Met Ala Ser Gly Leu Val Arg Leu Leu Gln Gln Gly His Arg Cys Leu

15 1 5 10 15

Leu Ala Pro Val Ala Pro Lys Leu Val Pro Pro Val Arg Gly Val Lys

20 25 30

Lys Gly Phe Arg Ala Ala Phe Arg Phe Gln Lys Glu Leu Glu Arg Gln

35 40 45

20 Arg Leu Leu Arg Cys Pro Pro Pro Pro Val Arg Arg Ser Glu Lys Pro

50 55 60

Asn Trp Asp Tyr His Ala Glu Ile Gln Ala Phe Gly His Arg Leu Gln

65 70 75 80

Glu Asn Phe Ser Leu Asp Leu Leu Lys Thr Ala Phe Val Asn Ser Cys

25 85 90 95

Tyr Ile Lys Ser Glu Glu Ala Lys Arg Gln Gln Leu Gly Ile Glu Lys

100 105 110

Glu Ala Val Leu Leu Asn Leu Lys Ser Asn Gln Glu Leu Ser Glu Gln

247/360

	115	120	125	
	Gly Thr Ser Phe Ser Gln Thr Cys Leu Thr Gln Phe Leu Glu Asp Glu			
	130	135	140	
	Tyr Pro Asp Met Pro Thr Glu Gly Ile Lys Asn Leu Val Asp Phe Leu			
5	145	150	155	160
	Thr Gly Glu Glu Val Val Cys His Val Ala Arg Asn Leu Ala Val Glu			
	165	170	175	
	Gln Leu Thr Leu Ser Glu Glu Phe Pro Val Pro Pro Ala Val Leu Gln			
	180	185	190	
10	Gln Thr Phe Phe Ala Val Ile Gly Ala Leu Leu Gln Ser Ser Gly Pro			
	195	200	205	
	Glu Arg Thr Ala Leu Phe Ile Arg Asp Phe Leu Ile Thr Gln Met Thr			
	210	215	220	
	Gly Lys Glu Leu Phe Glu Met Trp Lys Ile Ile Asn Pro Met Gly Leu			
15	225	230	235	240
	Leu Val Glu Glu Leu Lys Lys Arg Asn Val Ser Ala Pro Glu Ser Arg			
	245	250	255	
	Leu Thr Arg Gln Ser Gly Gly Thr Thr Ala Leu Pro Leu Tyr Phe Val			
	260	265	270	
20	Gly Leu Tyr Cys Asp Lys Lys Leu Ile Ala Glu Gly Pro Gly Glu Thr			
	275	280	285	
	Val Leu Val Ala Glu Glu Glu Ala Ala Arg Val Ala Leu Arg Lys Leu			
	290	295	300	
	Tyr Gly Phe Thr Glu Asn Arg Arg Pro Trp Asn Tyr Ser Lys Pro Lys			
25	305	310	315	320
	Glu Thr Leu Arg Ala Glu Lys Ser Ile Thr Ala Ser			
	325	330		

<210> 109

<211> 727

<212> DNA

5 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (81).. (560)

10

<400> 109

aaaagtttgt acgagttcag tggaggagac cgcaagttga gtggaggagg cggcgggtggg 60

gccccggacc aggtgcctcc atg gca ggc tct gaa gag ctg ggg ctc cgg gaa 113

15

Met Ala Gly Ser Glu Glu Leu Gly Leu Arg Glu

1

5

10

gac acg ctg agg gtc cta gct gcc ttc ctt agg cgt ggt gag gct gcc 161

Asp Thr Leu Arg Val Leu Ala Ala Phe Leu Arg Arg Gly Glu Ala Ala

20

15

20

25

ggg tct cct gtt cca act cca cct aga agc cct gcc caa gaa gag cca 209

Gly Ser Pro Val Pro Thr Pro Pro Arg Ser Pro Ala Gln Glu Glu Pro

30

35

40

25

aca gac ttc ctg agc cgc ctt cga aga tgt ctt ccc tgc tcc ctg ggg 257

Thr Asp Phe Leu Ser Arg Leu Arg Arg Cys Leu Pro Cys Ser Leu Gly

45

50

55

249/360

cga gga gca gcc ccc tct gag tcc cct cgg cct tgc tct ctg ccc atc 305

Arg Gly Ala Ala Pro Ser Glu Ser Pro Arg Pro Cys Ser Leu Pro Ile

60

65

70

75

5

cgc ccc tgc tat ggt tta gag cct ggc cca gct act cca gac ttc tat 353

Arg Pro Cys Tyr Gly Leu Glu Pro Gly Pro Ala Thr Pro Asp Phe Tyr

80

85

90

10 gct ttg gtg gcc cag cgg ctg gaa cag ctg gtc caa gag cag ctg aaa 401

Ala Leu Val Ala Gln Arg Leu Glu Gln Leu Val Gln Glu Gln Leu Lys

95

100

105

tct ccg ccc agc cca gaa tta cag ggt ccc cca tcg aca gag aag gaa 449

15 Ser Pro Pro Ser Pro Glu Leu Gln Gly Pro Pro Ser Thr Glu Lys Glu

110

115

120

gcc ata ctg cgg agg ctg gtg gcc ctg ctg gag gag gag gca gaa gtc 497

Ala Ile Leu Arg Arg Leu Val Ala Leu Leu Glu Glu Glu Ala Glu Val

20

125

130

135

att aac cag aag gag ggc atc ctg gct gtt tca ccc gtg gac ttg aac 545

Ile Asn Gln Lys Glu Gly Ile Leu Ala Val Ser Pro Val Asp Leu Asn

140

145

150

155

25

ttg cca ttg gac tga gctctttctc agaagctgct acaagatgac acctcatgct 600

Leu Pro Leu Asp

160

250/360

cctgccctct tcgtgtgctt ttccaagtct tcctattcca ctcagggtg tggggtggtg 660

gttgccctac ctgtttttgc caaaaataaa ttgtttaaaa cttttcttat taaaaacgtt 720

5

acaaagt

727

<210> 110

10 <211> 159

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 110

15 Met Ala Gly Ser Glu Glu Leu Gly Leu Arg Glu Asp Thr Leu Arg Val

1 5 10 15

Leu Ala Ala Phe Leu Arg Arg Gly Glu Ala Ala Gly Ser Pro Val Pro

20 25 30

Thr Pro Pro Arg Ser Pro Ala Gln Glu Glu Pro Thr Asp Phe Leu Ser

20 35 40 45

Arg Leu Arg Arg Cys Leu Pro Cys Ser Leu Gly Arg Gly Ala Ala Pro

50 55 60

Ser Glu Ser Pro Arg Pro Cys Ser Leu Pro Ile Arg Pro Cys Tyr Gly

65 70 75 80

25 Leu Glu Pro Gly Pro Ala Thr Pro Asp Phe Tyr Ala Leu Val Ala Gln

85 90 95

Arg Leu Glu Gln Leu Val Gln Glu Gln Leu Lys Ser Pro Pro Ser Pro

100 105 110

251/360

Glu Leu Gln Gly Pro Pro Ser Thr Glu Lys Glu Ala Il Leu Arg Arg

115

120

125

Leu Val Ala Leu Leu Glu Glu Glu Ala Glu Val Ile Asn Gln Lys Glu

130

135

140

5 Gly Ile Leu Ala Val Ser Pro Val Asp Leu Asn Leu Pro Leu Asp

145

150

155

<210> 111

10 <211> 1354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

15 <221> CDS

<222> (133).. (870)

<400> 111

accctccccc ctccccgagg taccttgac tttctccct ccctgcccc tctgagtc 60

20

accctccggg cttctgccc ctgctgctt gggtttcctt gcagtcgct gctgctgctg 120

tggggaggaa ag atg aat ggg agg gct gat ttt cga gag ccg aat gca gag 171

Met Asn Gly Arg Ala Asp Phe Arg Glu Pro Asn Ala Glu

25

1

5

10

gtt cca aga cca att ccc cac ata ggg cct gat tac att cca aca gag 219

Val Pro Arg Pro Ile Pro His Ile Gly Pro Asp Tyr Ile Pro Thr Glu

252/360

	15	20	25	
	gaa gaa agg aga gtc ttc gca gaa tgc aat gat gaa agc ttc tgg ttc 267			
	Glu Glu Arg Arg Val Phe Ala Glu Cys Asn Asp Glu Ser Phe Trp Phe			
5	30	35	40	45
aga tct gtg cct ttg gct gca aca agt atg ttg att act caa gga tta 315				
Arg Ser Val Pro Leu Ala Ala Thr Ser Met Leu Ile Thr Gln Gly Leu				
	50	55	60	
10	att agt aaa gga ata ctt tca agt cat ccc aaa tat ggt tcc atc cct 363			
	Ile Ser Lys Gly Ile Leu Ser Ser His Pro Lys Tyr Gly Ser Ile Pro			
	65	70	75	
15	aaa ctt ata ctt gct tgt atc atg gga tac ttt gct gga aaa ctt tct 411			
	Lys Leu Ile Leu Ala Cys Ile Met Gly Tyr Phe Ala Gly Lys Leu Ser			
	80	85	90	
	tat gtg aaa act tgc caa gag aaa ttc aag aaa ctt gaa aat tcc ccc 459			
20	Tyr Val Lys Thr Cys Gln Glu Lys Phe Lys Lys Leu Glu Asn Ser Pro			
	95	100	105	
	ctt gga gaa gct tta cga tca gga caa gca cga cga tct tca cca cct 507			
	Leu Gly Glu Ala Leu Arg Ser Gly Gln Ala Arg Arg Ser Ser Pro Pro			
25	110	115	120	125
	ggg cac tat tat caa aag tca aaa tat gac tca agt gtg agt ggt caa 555			
	Gly His Tyr Tyr Gln Lys Ser Lys Tyr Asp Ser Ser Val Ser Gly Gln			

253/360

	130	135	140	
	tca tct ttt gtg aca tcc cca gca gca gac aac ata gaa atg ctt cct	603		
	Ser Ser Phe Val Thr Ser Pro Ala Ala Asp Asn Ile Glu Met Leu Pro			
5	145	150	155	
	cat tat gag cca att cca ttc agt tct tct atg aat gaa tct gct ccc	651		
	His Tyr Glu Pro Ile Pro Phe Ser Ser Ser Met Asn Glu Ser Ala Pro			
	160	165	170	
10				
	act ggt att act gat cat att gtc caa gga cct gat ccc aac ctt gaa	699		
	Thr Gly Ile Thr Asp His Ile Val Gln Gly Pro Asp Pro Asn Leu Glu			
	175	180	185	
15				
	gaa agt cct aaa aga aaa aat att aca tat gag gaa tta agg aat aag	747		
	Glu Ser Pro Lys Arg Lys Asn Ile Thr Tyr Glu Glu Leu Arg Asn Lys			
	190	195	200	205
	aac aga gag tca tat gaa gta tct tta aca caa aag act gac ccc tca	795		
20	Asn Arg Glu Ser Tyr Glu Val Ser Leu Thr Gln Lys Thr Asp Pro Ser			
	210	215	220	
	gtc agg cct atg cat gaa aga gtg cca aaa aaa gaa gtc aaa gta aac	843		
	Val Arg Pro Met His Glu Arg Val Pro Lys Lys Glu Val Lys Val Asn			
25	225	230	235	
	aag tat gga gat act tgg gat gag tga aaaattacat cattggacat	890		
	Lys Tyr Gly Asp Thr Trp Asp Glu			

240

245

gaaggagttt caacatccag cttcatctag gtggatcatga ttacctgcat gctttgagct 950

5 cagcagcagt cttcataaac acatttaaaa caagatcctg ggtttttgtg gtttgacttc 1010

tatgggtgtt taaaaaaaca cagattttta gtgttaatat tgtgtaaatg tactcacctt 1070

agggattcat ttgaatgatg gtattatacc atgattgtat acagtttgtg aaattgttgc 1130

10

aaggggcaaag ataactctta aaaaaccgtc gagattacaa tgctctagaa tcagcatata 1190

agaaaataaa tgatatctgc atgttgaatt ggggtggatg gggggagcaa gcataatttt 1250

15 taagtgtgaa gctttgcatc aagaaattat taaaaagctt ttttctcca gtattttctg 1310

tattatctta atgtttatgg caaataaaat gtaaaggaac atgc 1354

20 <210> 112

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

25 <400> 112

Met Asn Gly Arg Ala Asp Phe Arg Glu Pro Asn Ala Glu Val Pro Arg

1 5 10 15

Pro Ile Pro His Ile Gly Pro Asp Tyr Ile Pro Thr Glu Glu Glu Arg

255/360

	20	25	30
	Arg Val Phe Ala Glu Cys Asn Asp Glu Ser Phe Trp Phe Arg Ser Val		
	35	40	45
	Pro Leu Ala Ala Thr Ser Met Leu Ile Thr Gln Gly Leu Ile Ser Lys		
5	50	55	60
	Gly Ile Leu Ser Ser His Pro Lys Tyr Gly Ser Ile Pro Lys Leu Ile		
	65	70	75
	Leu Ala Cys Ile Met Gly Tyr Phe Ala Gly Lys Leu Ser Tyr Val Lys		
	85	90	95
10	Thr Cys Gln Glu Lys Phe Lys Lys Leu Glu Asn Ser Pro Leu Gly Glu		
	100	105	110
	Ala Leu Arg Ser Gly Gln Ala Arg Arg Ser Ser Pro Pro Gly His Tyr		
	115	120	125
	Tyr Gln Lys Ser Lys Tyr Asp Ser Ser Val Ser Gly Gln Ser Ser Phe		
15	130	135	140
	Val Thr Ser Pro Ala Ala Asp Asn Ile Glu Met Leu Pro His Tyr Glu		
	145	150	155
	Pro Ile Pro Phe Ser Ser Ser Met Asn Glu Ser Ala Pro Thr Gly Ile		
	165	170	175
20	Thr Asp His Ile Val Gln Gly Pro Asp Pro Asn Leu Glu Glu Ser Pro		
	180	185	190
	Lys Arg Lys Asn Ile Thr Tyr Glu Glu Leu Arg Asn Lys Asn Arg Glu		
	195	200	205
	Ser Tyr Glu Val Ser Leu Thr Gln Lys Thr Asp Pro Ser Val Arg Pro		
25	210	215	220
	Met His Glu Arg Val Pro Lys Lys Glu Val Lys Val Asn Lys Tyr Gly		
	225	230	235
	Asp Thr Trp Asp Glu		240

245

<210> 113

5 <211> 653

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

10 <221> CDS

<222> (170).. (502)

<400> 113

cagaagaggt agggcgccgc cgtgacagat tagtcctaaa gggaacgggg ttgtagttc 60

15

aattggctac cggaaaaaac caggctgggc tgggcgccgc catgacaacc gataccggaa 120

aaggcgggtc gttccccccg gacagcccta cgccggcaaa ggtctcgag atg cag gcg 178

Met Gln Ala

20

1

gcc cta gag gtc acc gct cgc tac tgt ggc cgg gag ctg gag cag tat 226

Ala Leu Glu Val Thr Ala Arg Tyr Cys Gly Arg Glu Leu Glu Gln Tyr

5

10

15

25

ggc cag tgt gtg gcg gcc aag ccg gaa tcc tgg cag cgg gac tgt cac 274

Gly Gln Cys Val Ala Ala Lys Pro Glu Ser Trp Gln Arg Asp Cys His

20

25

30

35

257/360

tac ctt aag atg agc att gcc cag tgc aca tcc tcc cac cca atc atc 322

Tyr Leu Lys Met Ser Ile Ala Gln Cys Thr Ser Ser His Pro Ile Ile

40

45

50

5

cgc cag atc cgc cag gcc tgt gct cag cct ttt gag gcc ttc gag gag 370

Arg Gln Ile Arg Gln Ala Cys Ala Gln Pro Phe Glu Ala Phe Glu Glu

55

60

65

10 tgt ctt cga cag aac gag gca gct gtg ggc aac tgt gca gag cat atg 418

Cys Leu Arg Gln Asn Glu Ala Ala Val Gly Asn Cys Ala Glu His Met

70

75

80

cgc cgc ttc ctg cag tgc gct gag cag gtg cag ccg cca cgc tca cct 466

15 Arg Arg Phe Leu Gln Cys Ala Glu Gln Val Gln Pro Pro Arg Ser Pro

85

90

95

gca act gtg gag gca cag cca ctt cct gcc tcc tga ggactcctct 512

Ala Thr Val Glu Ala Gln Pro Leu Pro Ala Ser

20 100 105 110

gacggcagga aaactggaca tgaatgactg cccccccgcc cctcccctgc agagtggcca 572

gatggagtcc tgagccctgg acatgggccc ggctttcctg gatatcagga cttccaataa 632

25

ataaagactc tgtatactgg g

653

258/360

<210> 114

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

5

<400> 114

Met Gln Ala Ala Leu Glu Val Thr Ala Arg Tyr Cys Gly Arg Glu Leu

1 5 10 15

Glu Gln Tyr Gly Gln Cys Val Ala Ala Lys Pro Glu Ser Trp Gln Arg

10 20 25 30

Asp Cys His Tyr Leu Lys Met Ser Ile Ala Gln Cys Thr Ser Ser His

35 40 45

Pro Ile Ile Arg Gln Ile Arg Gln Ala Cys Ala Gln Pro Phe Glu Ala

50 55 60

15 Phe Glu Glu Cys Leu Arg Gln Asn Glu Ala Ala Val Gly Asn Cys Ala

65 70 75 80

Glu His Met Arg Arg Phe Leu Gln Cys Ala Glu Gln Val Gln Pro Pro

85 90 95

Arg Ser Pro Ala Thr Val Glu Ala Gln Pro Leu Pro Ala Ser

20 100 105 110

<210> 115

<211> 643

25 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

259/360

<221> CDS

<222> (40).. (411)

<400> 115

```

5  gcggaagtac ggaccgtgaa ctggagtgga atcgcgact atg gga gct ccg ggg      54
                                     Met Gly Ala Pro Gly
                                     1           5

                                     gga aag atc aac cgg ccc cga acg gag ctg aag aag aag ctg ttc aaa      102
10  Gly Lys Ile Asn Arg Pro Arg Thr Glu Leu Lys Lys Lys Leu Phe Lys
                                     10           15           20

                                     cgc cgg cgg gtg ttg aat cgg gag cgg cgt ctg agg cac cgg gtg gtc      150
15  Arg Arg Arg Val Leu Asn Arg Glu Arg Arg Leu Arg His Arg Val Val
                                     25           30           35

                                     ggg gct gtg ata gac caa ggg ctg atc acg cgg cac cac ctc aag aag      198
20  Gly Ala Val Ile Asp Gln Gly Leu Ile Thr Arg His His Leu Lys Lys
                                     40           45           50

                                     cgg gcg tcc agt gca cgt gcc aac att aca ctg tca ggg aag aag cgc      246
                                     Arg Ala Ser Ser Ala Arg Ala Asn Ile Thr Leu Ser Gly Lys Lys Arg
                                     55           60           65

                                     aga aaa ctc ctc cag cag atc cgg ctt gcc cag aaa gag aag aca gcc      294
25  Arg Lys Leu Leu Gln Gln Ile Arg Leu Ala Gln Lys Glu Lys Thr Ala
                                     70           75           80           85

```

atg gaa gtg gaa gcc cct tca aag cca gcc agg act agt gaa cca cag 342

Met Glu Val Glu Ala Pro Ser Lys Pro Ala Arg Thr Ser Glu Pro Gln

90

95

100

5 ctc aaa agg caa aag aag aca aaa gcc ccc cag gat gta gaa atg aag 390

Leu Lys Arg Gln Lys Lys Thr Lys Ala Pro Gln Asp Val Glu Met Lys

105

110

115

gac ctt gaa gat gag agc taa acctcttcca ctagaagatt ctcaactgga 441

10 Asp Leu Glu Asp Glu Ser

120

gccagccttc agactcagtg gttgtttcag aggactttga caaaagcaag gccccttttc 501

15 actctccaga ttctctccta cctaattggc tactgacctc cctagaggg atgtctttgg 561

gaggaagaa ggtacagaag aaagattgga gaagggtctc tctagcagtc aactccattt 621

gtaataaagc cctagcactc tg 643

20

<210> 116

<211> 123

<212> PRT

25 <213> Homo sapiens

<400> 116

Met Gly Ala Pro Gly Gly Lys Ile Asn Arg Pro Arg Thr Glu Leu Lys

261/360

1 5 10 15
 Lys Lys Leu Phe Lys Arg Arg Arg Val Leu Asn Arg Glu Arg Arg Leu
 20 25 30
 Arg His Arg Val Val Gly Ala Val Ile Asp Gln Gly Leu Ile Thr Arg
 5 35 40 45
 His His Leu Lys Lys Arg Ala Ser Ser Ala Arg Ala Asn Ile Thr Leu
 50 55 60
 Ser Gly Lys Lys Arg Arg Lys Leu Leu Gln Gln Ile Arg Leu Ala Gln
 65 70 75 80
 10 Lys Glu Lys Thr Ala Met Glu Val Glu Ala Pro Ser Lys Pro Ala Arg
 85 90 95
 Thr Ser Glu Pro Gln Leu Lys Arg Gln Lys Lys Thr Lys Ala Pro Gln
 100 105 110
 Asp Val Glu Met Lys Asp Leu Glu Asp Glu Ser
 15 115 120

<210> 117

<211> 1293

20 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

25 <222> (306).. (1019) ,

<400> 117

gttaggctga gcctcttgct tgctgtgact ggtggagctg ccgcgctgtc cgcgttatct 60

cctcccgggtg agaacgaacc gcagtgtcca ccggcgagga gccagccctg tcccggtcag 120

agaaagacga cgaggatacc tgggagcggg cggcggccgg gctgggccgc gccggtgcgg 180

5

gctggcgact ctgctcctcc gcttgcctgt gtctctggga actgggtgcc agcgtgagg 240

ggcttccagc ggacaggagc ccccttcccc ggctcccctg cccaccctgc cggggagggc 300

10 ggaag atg ccg gtg aag aag aag aga aaa tcc cct ggg gtg gca gca gca 350

Met Pro Val Lys Lys Lys Arg Lys Ser Pro Gly Val Ala Ala Ala

1 5 10 15

gta gcg gaa gac gga ggc ctc aaa aag tgt aaa atc tcc agc tat tgc 398

15 Val Ala Glu Asp Gly Gly Leu Lys Lys Cys Lys Ile Ser Ser Tyr Cys

20 25 30

aga tcc caa ccc cct gct aga cta ata agt gga gag gaa cat ttt tca 446

Arg Ser Gln Pro Pro Ala Arg Leu Ile Ser Gly Glu Glu His Phe Ser

20 35 40 45

agc aag aag tgc ctg gct tgg ttt tat gaa tat gca ggt cct gat gaa 494

Ser Lys Lys Cys Leu Ala Trp Phe Tyr Glu Tyr Ala Gly Pro Asp Glu

50 55 60

25

gtt gta ggg cca gaa gga atg gaa aaa ttt tgt gaa gac att ggt gtt 542

Val Val Gly Pro Glu Gly Met Glu Lys Phe Cys Glu Asp Ile Gly Val

65 70 75

263/360

gaa cct gaa aat att att atg tta gtt tta gcg tgg aaa ttg gag gct 590

Glu Pro Glu Asn Ile Ile Met Leu Val Leu Ala Trp Lys Leu Glu Ala

80 85 90 95

5

gaa agc atg gga ttt ttt acc aag gaa gaa tgg tta aag gga atg act 638

Glu Ser Met Gly Phe Phe Thr Lys Glu Glu Trp Leu Lys Gly Met Thr

100 105 110

10 tca tta cag tgt gac tgc aca gaa aag tta caa aac aaa ttt gac ttt 686

Ser Leu Gln Cys Asp Cys Thr Glu Lys Leu Gln Asn Lys Phe Asp Phe

115 120 125

ttg cgc tca cag ttg aat gat att tcg tca ttt aag aat atc tac aga 734

15 Leu Arg Ser Gln Leu Asn Asp Ile Ser Ser Phe Lys Asn Ile Tyr Arg

130 135 140

tat gcc ttt gat ttt gca agg gat aaa gat cag aga agc ctt gat att 782

Tyr Ala Phe Asp Phe Ala Arg Asp Lys Asp Gln Arg Ser Leu Asp Ile

20 145 150 155

gat act gct aaa tct atg tta gct ctt ctg ctt ggg agg aca tgg cca 830

Asp Thr Ala Lys Ser Met Leu Ala Leu Leu Leu Gly Arg Thr Trp Pro

160 165 170 175

25

ctg ttt tca gta ttt tac cag tac ctg gag caa tca aag tat cgt gtt 878

Leu Phe Ser Val Phe Tyr Gln Tyr Leu Glu Gln Ser Lys Tyr Arg Val

180 185 190

atg aac aaa gat caa tgg tac aat gta tta gaa ttc agc aga aca gtc 926

Met Asn Lys Asp Gln Trp Tyr Asn Val Leu Glu Phe Ser Arg Thr Val

195

200

205

5

cat gct gat ctt agt aac tat gat gaa gat ggt gct tgg cct gtt ctt 974

His Ala Asp Leu Ser Asn Tyr Asp Glu Asp Gly Ala Trp Pro Val Leu

210

215

220

10 ctt gat gaa ttt gtt gag tgg caa aaa gtc cgt cag aca tca tag 1019

Leu Asp Glu Phe Val Glu Trp Gln Lys Val Arg Gln Thr Ser

225

230

235

caagaactat gtgaagaaaa tgcaaacctt tcaattocca cgtgtatata agctaattgtg 1079

15

atgaggggga aaaaaatcca acgggtgcat ttccattcat atgaaagact tctcatagta 1139

cttttttttc ctttttttaa aggaggtttt tcttgttaca tgtgatgggc attgagccac 1199

20 acctcttctt agactgaata ttgaagtttt tgttttgagt tatgtttata acatttattt 1259

cagaacaata aagattcaga ttgtgacaa aggc

1293

25 <210> 118

<211> 237

<212> PRT

<213> Homo sapiens

265/360

<400> 118

Met Pro Val Lys Lys Lys Arg Lys Ser Pro Gly Val Ala Ala Ala Val

1 5 10 15

5 Ala Glu Asp Gly Gly Leu Lys Lys Cys Lys Ile Ser Ser Tyr Cys Arg

20 25 30

Ser Gln Pro Pro Ala Arg Leu Ile Ser Gly Glu Glu His Phe Ser Ser

35 40 45

Lys Lys Cys Leu Ala Trp Phe Tyr Glu Tyr Ala Gly Pro Asp Glu Val

10 50 55 60

Val Gly Pro Glu Gly Met Glu Lys Phe Cys Glu Asp Ile Gly Val Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asn Ile Ile Met Leu Val Leu Ala Trp Lys Leu Glu Ala Glu

85 90 95

15 Ser Met Gly Phe Phe Thr Lys Glu Glu Trp Leu Lys Gly Met Thr Ser

100 105 110

Leu Gln Cys Asp Cys Thr Glu Lys Leu Gln Asn Lys Phe Asp Phe Leu

115 120 125

Arg Ser Gln Leu Asn Asp Ile Ser Ser Phe Lys Asn Ile Tyr Arg Tyr

20 130 135 140

Ala Phe Asp Phe Ala Arg Asp Lys Asp Gln Arg Ser Leu Asp Ile Asp

145 150 155 160

Thr Ala Lys Ser Met Leu Ala Leu Leu Leu Gly Arg Thr Trp Pro Leu

165 170 175

25 Phe Ser Val Phe Tyr Gln Tyr Leu Glu Gln Ser Lys Tyr Arg Val Met

180 185 190

Asn Lys Asp Gln Trp Tyr Asn Val Leu Glu Phe Ser Arg Thr Val His

195 200 205

266/360

Ala Asp Leu Ser Asn Tyr Asp Glu Asp Gly Ala Trp Pro Val Leu Leu

210

215

220

Asp Glu Phe Val Glu Trp Gln Lys Val Arg Gln Thr Ser

225

230

235

5

<210> 119

<211> 916

<212> DNA

10 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (148).. (471)

15

<400> 119

ctctctcggt ttgtctgggt catcttgtct gcccgcoget ggcctggccc cgtctgtctc 60

tctcagcagc tgtctttctc gcgcccaactg gccggtctct cctcttcccc gcagttgcct 120

20

ccttctctgc ctgcctgggt ggccgcc atg ggc cgg aag cgg ctc atc act gat 174

Met Gly Arg Lys Arg Leu Ile Thr Asp

1

5

25 tcc tac ccg gtt gtg aag agg agg gag ggg ccc gct ggg cac agc aag 222

Ser Tyr Pro Val Val Lys Arg Arg Glu Gly Pro Ala Gly His Ser Lys

10

15

20

25

267/360

ggg gag ctg gca ccc gag cta ggg gag gag ccc cag ccc cgc gac gag 270

Gly Glu Leu Ala Pro Glu Leu Gly Glu Glu Pro Gln Pro Arg Asp Glu

30

35

40

5 gag gaa gcg gag ctg gag ctg ctg agg cag ttt gac ctg gcc tgg cag 318

Glu Glu Ala Glu Leu Glu Leu Leu Arg Gln Phe Asp Leu Ala Trp Gln

45

50

55

tac ggg ccc tgc acc ggg atc aca cgg ctg cag cgc tgg tgt cgg gcc 366

10 Tyr Gly Pro Cys Thr Gly Ile Thr Arg Leu Gln Arg Trp Cys Arg Ala

60

65

70

aag cag atg ggc ttg gag cct ccc cca gag gtg tgg cag gtg ctg aag 414

Lys Gln Met Gly Leu Glu Pro Pro Pro Glu Val Trp Gln Val Leu Lys

15

75

80

85

acc cac ccc gga gac ccc cgc ttc cag tgc agt ctc tgg cat ctc tat 462

Thr His Pro Gly Asp Pro Arg Phe Gln Cys Ser Leu Trp His Leu Tyr

90

95

100

105

20

ccc cta tga ggcaccacgt aagacctcct gcccttagct ctcttgctca 511

Pro Leu

ccacccaaga acctcaggac agaagcgaga gccattgct cctgctcagc tcagcccggc 571

25

tgcggaggaa cccttggcag gcagaacctg gaggtgtcag aggtcgaact cctccatcta 631

accagcaggc tcccagagtc cccggaagag cctgcgcagc tgaagcagag tgcttctaga 691

tggagagtgg tcactgggga aaaggacctg gccatcacct tccaatacct gctgcctgtc 751

tccctgaccc atgatctggc aagttaggca cagtcagaca tggacagttg atccatgagg 811

5

aaaagatgct ctcccaccta aggccaggaa tctgagagca ggactggctg agctcccagg 871

gcaaggggtt cactaatgct tatcaataaa gaatattgag cctgg 916

10

<210> 120

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15

<400> 120

Met Gly Arg Lys Arg Leu Ile Thr Asp Ser Tyr Pro Val Val Lys Arg

1 5 10 15

Arg Glu Gly Pro Ala Gly His Ser Lys Gly Glu Leu Ala Pro Glu Leu

20 25 30

Gly Glu Glu Pro Gln Pro Arg Asp Glu Glu Glu Ala Glu Leu Glu Leu

35 40 45

Leu Arg Gln Phe Asp Leu Ala Trp Gln Tyr Gly Pro Cys Thr Gly Ile

50 55 60

25 Thr Arg Leu Gln Arg Trp Cys Arg Ala Lys Gln Met Gly Leu Glu Pro

65 70 75 80

Pro Pro Glu Val Trp Gln Val Leu Lys Thr His Pro Gly Asp Pro Arg

85 90 95

269/360

Phe Gln Cys Ser Leu Trp His Leu Tyr Pro Leu

100

105

5

<210> 121

<211> 1002

<212> DNA

<213> Homo sapiens

10

<220>

<221> CDS

<222> (51).. (731)

15

<400> 121

ctattttctc acctggttcc cgcggcgagc cagcggcagc ggccggcggcg atg aga 56

Met Arg

1

20

cag aag cac tac ctt gag gct gca gcg cgg gga ctg cac gac agc tgc 104

Gln Lys His Tyr Leu Glu Ala Ala Ala Arg Gly Leu His Asp Ser Cys

5

10

15

ccg ggc caa gcc cgc tac ctc ctt ctc ttt ctc ttt tac agc tgg gcc 152

25

Pro Gly Gln Ala Arg Tyr Leu Leu Leu Phe Leu Phe Tyr Ser Trp Ala

20

25

30

tac act tcg tcg cac gat gat aag agc act ttt gaa gaa acg tgt cca 200

270/360

Tyr Thr Ser Ser His Asp Asp Lys Ser Thr Phe Glu Glu Thr Cys Pro
 35 40 45 50
 tac tgt ttc cag ctg ttg gtt ctg gat aac tct cga gtg cgt ctc aaa 248
 5 Tyr Cys Phe Gln Leu Leu Val Leu Asp Asn Ser Arg Val Arg Leu Lys
 55 60 65
 ccc aaa gcc agg ttg aca ccc aaa ata cag aaa ctt ctt aat cga gaa 296
 Pro Lys Ala Arg Leu Thr Pro Lys Ile Gln Lys Leu Leu Asn Arg Glu
 10 70 75 80
 gcg aga aac tat aca ctc agt ttt aaa gaa gca aaa atg gtg aaa aag 344
 Ala Arg Asn Tyr Thr Leu Ser Phe Lys Glu Ala Lys Met Val Lys Lys
 85 90 95
 15
 ttc aaa gac tcc aaa agt gta ttg ttg atc act tgt aaa aca tgc aac 392
 Phe Lys Asp Ser Lys Ser Val Leu Leu Ile Thr Cys Lys Thr Cys Asn
 100 105 110
 20 aga aca gtg aaa cat cat ggt aaa agt aga agc ttt gtg tca aca ttg 440
 Arg Thr Val Lys His His Gly Lys Ser Arg Ser Phe Val Ser Thr Leu
 115 120 125 130
 aag agc aat cct gcc act cct aca agt aaa ctc agc ctg aag aca cca 488
 25 Lys Ser Asn Pro Ala Thr Pro Thr Ser Lys Leu Ser Leu Lys Thr Pro
 135 140 145
 gag aga agg act gca aac cca aat cat gac atg tct ggc tcg aaa ggc 536

Glu Arg Arg Thr Ala Asn Pro Asn His Asp Met Ser Gly Ser Lys Gly

150

155

160

aag agc cca gca tcg gtt ttc aga aca cct aca tct gga cag tca gta 584

5 Lys Ser Pro Ala Ser Val Phe Arg Thr Pro Thr Ser Gly Gln Ser Val

165

170

175

tct act tgc tcc tca aag aac acc agc aaa aca aag aaa cac ttc tct 632

Ser Thr Cys Ser Ser Lys Asn Thr Ser Lys Thr Lys Lys His Phe Ser

10 180

185

190

caa cta aaa atg tta ctt agt cag aat gaa tcc caa aag att cca aag 680

Gln Leu Lys Met Leu Leu Ser Gln Asn Glu Ser Gln Lys Ile Pro Lys

195

200

205

210

15

gtg gac ttc aga aat ttc tta tct tct ctg aag ggt gga ctt tta aaa 728

Val Asp Phe Arg Asn Phe Leu Ser Ser Leu Lys Gly Gly Leu Leu Lys

215

220

225

20 taa gaaatgcctg atgtcaattc tgaaactaaa gttggtaaaa caacttttta 781

aactottatt catTTTTga atacatggaa actagatctg aatgcaaact tttcttgga 841

25 tcocttcagt tttatgggga aaatacctca ttagtgtaa tacctgaaac ctgcctacct 901

cataggacag ctgtgaggat caaaaaatat atgaaagttc cttgtagata catatctata 961

gatatatatg tgtatgtata taaagataga tatatacatt g

1002

<210> 122

5 <211> 226

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 122

10 Met Arg Gln Lys His Tyr Leu Glu Ala Ala Ala Arg Gly Leu His Asp
 1 5 10 15
 Ser Cys Pro Gly Gln Ala Arg Tyr Leu Leu Leu Phe Leu Phe Tyr Ser
 20 25 30
 Trp Ala Tyr Thr Ser Ser His Asp Asp Lys Ser Thr Phe Glu Glu Thr
 15 35 40 45
 Cys Pro Tyr Cys Phe Gln Leu Leu Val Leu Asp Asn Ser Arg Val Arg
 50 55 60
 Leu Lys Pro Lys Ala Arg Leu Thr Pro Lys Ile Gln Lys Leu Leu Asn
 65 70 75 80
 20 Arg Glu Ala Arg Asn Tyr Thr Leu Ser Phe Lys Glu Ala Lys Met Val
 85 90 95
 Lys Lys Phe Lys Asp Ser Lys Ser Val Leu Leu Ile Thr Cys Lys Thr
 100 105 110
 Cys Asn Arg Thr Val Lys His His Gly Lys Ser Arg Ser Phe Val Ser
 25 115 120 125
 Thr Leu Lys Ser Asn Pro Ala Thr Pro Thr Ser Lys Leu Ser Leu Lys
 130 135 140
 Thr Pro Glu Arg Arg Thr Ala Asn Pro Asn His Asp Met Ser Gly S r

273/360

145 150 155 160
Lys Gly Lys Ser Pro Ala Ser Val Phe Arg Thr Pro Thr Ser Gly Gln
165 170 175
Ser Val Ser Thr Cys Ser Ser Lys Asn Thr Ser Lys Thr Lys Lys His
5 180 185 190
Phe Ser Gln Leu Lys Met Leu Leu Ser Gln Asn Glu Ser Gln Lys Ile
195 200 205
Pro Lys Val Asp Phe Arg Asn Phe Leu Ser Ser Leu Lys Gly Gly Leu
210 215 220
10 Leu Lys
225

<210> 123

15 <211> 1753

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

20 <221> CDS

<222> (268).. (1455)

<400> 123

gcctttgttt acaaccctgc catgatctcc ctcttgcaaa agcgagggt acagaacagg 60

25

cattcaggag tcctgtgctc cagtcacagc cttttctgtt cttcagctag gagacaccaa 120

accctcagga agatttacta tagctaagag aaaactgcag cagaaagggc gcggctacct 180

274/360

acttcttaaa ttccgtttgt ggaccctcag actcttagtc ccctactccc agatacagcg 240

gccctaccgt ggctcctggc aagaagc atg gat ctc gga atc cct gac ctg ctg 294

5 Met Asp Leu Gly Ile Pro Asp Leu Leu

1

5

gac gcg tgg ctg gag ccc cca gag gat atc ttc tcg aca gga tcc gtc 342

Asp Ala Trp Leu Glu Pro Pro Glu Asp Ile Phe Ser Thr Gly Ser Val

10 10 15 20 25

ctg gag ctg gga ctc cac tgc ccc cct cca gag gtt ccg gta act agg 390

Leu Glu Leu Gly Leu His Cys Pro Pro Pro Glu Val Pro Val Thr Arg

30 35 40

15

cta cag gaa cag gga ctg caa ggc tgg aag tcc ggt ggg gac cgt ggc 438

Leu Gln Glu Gln Gly Leu Gln Gly Trp Lys Ser Gly Gly Asp Arg Gly

45 50 55

20 tgt ggc ctt caa gag agt gag cct gaa gat ttc ttg aag ctt ttc att 486

Cys Gly Leu Gln Glu Ser Glu Pro Glu Asp Phe Leu Lys Leu Phe Ile

60 65 70

gat ccc aat gag gtg tac tgc tca gaa gca tct cct ggc agt gac agt 534

25 Asp Pro Asn Glu Val Tyr Cys Ser Glu Ala Ser Pro Gly Ser Asp Ser

75 80 85

ggc atc tct gag gac ccc tgc cat cca gac agt ccc cct gcc ccc agg 582

275/360

Gly Ile S r Glu Asp Pro Cys His Pro Asp S r Pro Pro Ala Pro Arg

90 95 100 105

gca acc agt tct cct atg ctc tat gag gtt gtc tat gag gca ggg gcc 630

5 Ala Thr Ser Ser Pro Met Leu Tyr Glu Val Val Tyr Glu Ala Gly Ala

110 115 120

ctg gag agg atg cag ggg gaa act ggg cca aat gta ggc ctt atc tcc 678

Leu Glu Arg Met Gln Gly Glu Thr Gly Pro Asn Val Gly Leu Ile Ser

10 125 130 135

atc cag cta gat cag tgg agc cca gca ttt atg gtg cct gat tcc tgc 726

Ile Gln Leu Asp Gln Trp Ser Pro Ala Phe Met Val Pro Asp Ser Cys

140 145 150

15

atg gtc agt gag ctg ccc ttt gat gct cat gcc cac atc ctg ccc aga 774

Met Val Ser Glu Leu Pro Phe Asp Ala His Ala His Ile Leu Pro Arg

155 160 165

20 gca ggc acc gta gcc cca gtg ccc tgt aca acc ctg ctg ccc tgt caa 822

Ala Gly Thr Val Ala Pro Val Pro Cys Thr Thr Leu Leu Pro Cys Gln

170 175 180 185

acc ctg ttc ctg acc gat gag gag aag cgt ctg ctg ggg cag gaa ggg 870

25 Thr Leu Phe Leu Thr Asp Glu Glu Lys Arg Leu Leu Gly Gln Glu Gly

190 195 200

gtt tcc ctg ccc tct cac ctg ccc ctc acc aag gca gag gag agg gtc 918

276/360

Val Ser Leu Pro Ser His Leu Pro Leu Thr Lys Ala Glu Glu Arg Val

205

210

215

ctc aag aag gtc agg agg aaa atc cgt aac aag cag tca gct cag gac 966

5 Leu Lys Lys Val Arg Arg Lys Ile Arg Asn Lys Gln Ser Ala Gln Asp

220

225

230

agt cgg cgg cgg aag aag gag tac att gat ggg ctg gag agc agg gtg 1014

Ser Arg Arg Arg Lys Lys Glu Tyr Ile Asp Gly Leu Glu Ser Arg Val

10

235

240

245

gca gcc tgt tct gca cag aac caa gaa tta cag aaa aaa gtc cag gag 1062

Ala Ala Cys Ser Ala Gln Asn Gln Glu Leu Gln Lys Lys Val Gln Glu

250

255

260

265

15

ctg gag agg cac aac atc tcc ttg gta gct cag ctc cgc cag ctg cag 1110

Leu Glu Arg His Asn Ile Ser Leu Val Ala Gln Leu Arg Gln Leu Gln

270

275

280

20 acg cta att gct caa act tcc aac aaa gct gcc cag acc agc act tgt 1158

Thr Leu Ile Ala Gln Thr Ser Asn Lys Ala Ala Gln Thr Ser Thr Cys

285

290

295

gtt ttg att ctt ctt ttt tcc ctg gct ctc atc atc ctg ccc agc ttc 1206

25 Val Leu Ile Leu Leu Phe Ser Leu Ala Leu Ile Ile Leu Pro Ser Phe

300

305

310

agt cca ttc cag agt cga cca gaa gct ggg tct gag gat tac cag cct 1254

277/360

Ser Pro Phe Gln Ser Arg Pro Glu Ala Gly Ser Glu Asp Tyr Gln Pro
 315 320 325

cac gga gtg act tcc aga aat atc ctg acc cac aag gac gta aca gaa 1302

5 His Gly Val Thr Ser Arg Asn Ile Leu Thr His Lys Asp Val Thr Glu
 330 335 340 345

aat ctg gag acc caa gtg gta gag tcc aga ctg agg gag cca cct gga 1350
 Asn Leu Glu Thr Gln Val Val Glu Ser Arg Leu Arg Glu Pro Pro Gly

10 350 355 360

gcc aag gat gca aat ggc tca aca agg aca ctg ctt gag aag atg gga 1398
 Ala Lys Asp Ala Asn Gly Ser Thr Arg Thr Leu Leu Glu Lys Met Gly

365 370 375

15

ggg aag cca aga ccc agt ggg cgc atc cgg tcc gtg ctg cat gca gat 1446
 Gly Lys Pro Arg Pro Ser Gly Arg Ile Arg Ser Val Leu His Ala Asp

380 385 390

20 gag atg tga gctggaacag accttctctgg cccacttctct gatcacaagg 1495
 Glu Met

395

aatcctgggc ttccttatgg ctttgcttcc cactgggatt cctacttagg tgtctgccct 1555

25

caggggtcca aatcacttca ggacacccca agagatgtcc ttagtctctt gcctgaggcc 1615

tagtctgcat ttgtttgcat atatgagagg gtacctcaaa tacttctgtt atgtatctgt 1675

gattttattt cttctttggg tataggggtg aggggaaata agttttgagt gagaaataaa 1735

-cgtttttagct gaaattgt

1753

5

<210> 124

<211> 395

<212> PRT

10 <213> Homo sapiens

<400> 124

Met Asp Leu Gly Ile Pro Asp Leu Leu Asp Ala Trp Leu Glu Pro Pro

1 5 10 15

15 Glu Asp Ile Phe Ser Thr Gly Ser Val Leu Glu Leu Gly Leu His Cys

20 25 30

Pro Pro Pro Glu Val Pro Val Thr Arg Leu Gln Glu Gln Gly Leu Gln

35 40 45

Gly Trp Lys Ser Gly Gly Asp Arg Gly Cys Gly Leu Gln Glu Ser Glu

20 50 55 60

Pro Glu Asp Phe Leu Lys Leu Phe Ile Asp Pro Asn Glu Val Tyr Cys

65 70 75 80

Ser Glu Ala Ser Pro Gly Ser Asp Ser Gly Ile Ser Glu Asp Pro Cys

85 90 95

25 His Pro Asp Ser Pro Pro Ala Pro Arg Ala Thr Ser Ser Pro Met Leu

100 105 110

Tyr Glu Val Val Tyr Glu Ala Gly Ala Leu Glu Arg Met Gln Gly Glu

115 120 125

Thr Gly Pro Asn Val Gly Leu Ile Ser Ile Gln Leu Asp Gln Trp S r
 130 135 140
 Pro Ala Phe Met Val Pro Asp Ser Cys Met Val Ser Glu Leu Pro Phe
 145 150 155 160
 5 Asp Ala His Ala His Ile Leu Pro Arg Ala Gly Thr Val Ala Pro Val
 165 170 175
 Pro Cys Thr Thr Leu Leu Pro Cys Gln Thr Leu Phe Leu Thr Asp Glu
 180 185 190
 Glu Lys Arg Leu Leu Gly Gln Glu Gly Val Ser Leu Pro Ser His Leu
 10 195 200 205
 Pro Leu Thr Lys Ala Glu Glu Arg Val Leu Lys Lys Val Arg Arg Lys
 210 215 220
 Ile Arg Asn Lys Gln Ser Ala Gln Asp Ser Arg Arg Arg Lys Lys Glu
 225 230 235 240
 15 Tyr Ile Asp Gly Leu Glu Ser Arg Val Ala Ala Cys Ser Ala Gln Asn
 245 250 255
 Gln Glu Leu Gln Lys Lys Val Gln Glu Leu Glu Arg His Asn Ile Ser
 260 265 270
 Leu Val Ala Gln Leu Arg Gln Leu Gln Thr Leu Ile Ala Gln Thr Ser
 20 275 280 285
 Asn Lys Ala Ala Gln Thr Ser Thr Cys Val Leu Ile Leu Leu Phe Ser
 290 295 300
 Leu Ala Leu Ile Ile Leu Pro Ser Phe Ser Pro Phe Gln Ser Arg Pro
 305 310 315 320
 25 Glu Ala Gly Ser Glu Asp Tyr Gln Pro His Gly Val Thr Ser Arg Asn
 325 330 335
 Ile Leu Thr His Lys Asp Val Thr Glu Asn Leu Glu Thr Gln Val Val
 340 345 350

280/360

Glu Ser Arg Leu Arg Glu Pro Pro Gly Ala Lys Asp Ala Asn Gly Ser

355

360

365

Thr Arg Thr Leu Leu Glu Lys Met Gly Gly Lys Pro Arg Pro Ser Gly

370

375

380

5 Arg Ile Arg Ser Val Leu His Ala Asp Glu Met

385

390

395

<210> 125

10 <211> 668

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

15 <221> CDS

<222> (54).. (122)

<400> 125

ctttcttctt tttggtgcga gcttgctgtg gtttttgctc tgggtcctct ggg atg 56

20

Met

1

gcg cct ggc tgt ggc cgc gtg gtc tct cac gca ggg gcg ccg ggc ggg 104

Ala Pro Gly Cys Gly Arg Val Val Ser His Ala Gly Ala Pro Gly Gly

25

5

10

15

gga acg cgg cca ccc tga gtctggtgag tcgactgcgg cggcctgtgt 152

Gly Thr Arg Pro Pro

20

ccgaagtgtc cggggccgtg aacaaggga gggcctggc ctcaggcctg cgttcccacg 212

5 tttggaaacg gggagcttcg tcgattttgt ttacatcatc gactatgccg gggagttctc 272

cagataagcc tggttttatt ttcgtcagtg aaaaggcctt accgtataac tgactttatg 332

cttgcctgc ccccgataaa aataacttaa aagcagcgtg cctgggtaca gctgtttcca 392

10

cgtgcggtgc tcgtcgggag tgatcaccta ccctacaggt ggaagatgga tgcctgaagt 452

gtagactgct gctagctgaa taccatctgg gagcataaag gtgacctgaa ggatgtcctt 512

15 ggtgaggatt ttgaaaattt gatcttcaca agagttgcct ggatcatttg aaatttctgg 572

gagtctgagg agtactgaca taattacctg ctggagtctg taaatacaca tttaagacag 632

tgaggatgtg aataaatata ttaatgcaaa aaaaac 668

20

<210> 126

<211> 22

<212> PRT

25 <213> Homo sapiens

<400> 126

Met Ala Pro Gly Cys Gly Arg Val Val Ser His Ala Gly Ala Pro Gly

282/360

1 5 10 15
Gly Gly Thr Arg Pro Pro
20

5

<210> 127

<211> 279

<212> DNA

<213> Homo sapiens

10

<220>

<221> CDS

<222> (27).. (239)

15 <400> 127

atccctctcc acgacctcgg tcgagc atg ttc acc agg gcc cag gtg aga cgg 53

Met Phe Thr Arg Ala Gln Val Arg Arg

1

5

20 att ctg cag cgg gtg ccc ggg aag cag cga ttt ggc atc tac cgg ttc 101

Ile Leu Gln Arg Val Pro Gly Lys Gln Arg Phe Gly Ile Tyr Arg Phe

10

15

20

25

ctg ccc ttc ttt ttt gtc ctg gga gga acg atg gag tgg atc atg att 149

25 Leu Pro Phe Phe Phe Val Leu Gly Gly Thr Met Glu Trp Ile Met Ile

30

35

40

aaa gtg cgc gtg ggc cag gag acc ttc tat gat gtc tac cgt aga aaa 197

Lys Val Arg Val Gly Gln Glu Thr Phe Tyr Asp Val Tyr Arg Arg Lys

45

50

55

gcc tca gaa aga cag tat cag aga agg ctg gaa gat gaa tga

239

5 Ala Ser Glu Arg Gln Tyr Gln Arg Arg Leu Glu Asp Glu

60

65

70

gactgaactt cagcagtcaa taaagtcaat atgaattttt

279

10

<210> 128

<211> 70

<212> PRT

<213> Homo sapiens

15

<400> 128

Met Phe Thr Arg Ala Gln Val Arg Arg Ile Leu Gln Arg Val Pro Gly

1

5

10

15

Lys Gln Arg Phe Gly Ile Tyr Arg Phe Leu Pro Phe Phe Phe Val Leu

20

20

25

30

Gly Gly Thr Met Glu Trp Ile Met Ile Lys Val Arg Val Gly Gln Glu

35

40

45

Thr Phe Tyr Asp Val Tyr Arg Arg Lys Ala Ser Glu Arg Gln Tyr Gln

50

55

60

25 Arg Arg Leu Glu Asp Glu

65

70

284/360

<210> 129

<211> 3367

<212> DNA

<213> Homo sapiens

5

<220>

<221> CDS

<222> (91).. (2178)

10 <400> 129

cagatatact gaggagccc tgagaagcag ttcagatcc tgacgggtgca gcagcccgca 60

gcctcagcca gggagtccca gccgctttca atg gag gag aag ccc ggc cag cca 114

Met Glu Glu Lys Pro Gly Gln Pro

15

1

5

cag cct cag cac cat cac agc cac cac cat ccg cac cat cac cct cag 162

Gln Pro Gln His His His Ser His His His Pro His His His Pro Gln

10

15

20

20

cag cag cag cag cag ccg cac cac cac cac cat tat tat ttc tac aac 210

Gln Gln Gln Gln Gln Pro His His His His His Tyr Tyr Phe Tyr Asn

25

30

35

40

25

cac agc cac aac cac cac cac cac cat cat cac cag cag cct cac caa 258

His Ser His Asn His His His His His His His Gln Gln Pro His Gln

45

50

55

285/360

tac ctg cag cat gga gcc gag ggc agc ccc aag gcc cag cca aag ccg 306

Tyr Leu Gln His Gly Ala Glu Gly Ser Pro Lys Ala Gln Pro Lys Pro

60

65

70

5 ctg aaa cat gag cag aaa cac acc ctc cag cag cac cag gaa acg ccg 354

Leu Lys His Glu Gln Lys His Thr Leu Gln Gln His Gln Glu Thr Pro

75

80

85

aag aag aaa aca ggc tat ggt gaa cta aac ggt aat gct gga gaa aga 402

10 Lys Lys Lys Thr Gly Tyr Gly Glu Leu Asn Gly Asn Ala Gly Glu Arg

90

95

100

gaa ata tct tta aag aac ctg agt tct gat gaa gcc acc aac cct att 450

Glu Ile Ser Leu Lys Asn Leu Ser Ser Asp Glu Ala Thr Asn Pro Ile

15 105

110

115

120

tcc agg gtc ctc aat ggc aac cag caa gtt gta gac act agc ctg aag 498

Ser Arg Val Leu Asn Gly Asn Gln Gln Val Val Asp Thr Ser Leu Lys

125

130

135

20

cag act gta aag gcc aac acc ttt ggg aaa gca gga att aaa acc aag 546

Gln Thr Val Lys Ala Asn Thr Phe Gly Lys Ala Gly Ile Lys Thr Lys

140

145

150

25 aat ttc att cag aaa aac agt atg gac aaa aag aat ggg aag tct tat 594

Asn Phe Ile Gln Lys Asn Ser Met Asp Lys Lys Asn Gly Lys Ser Tyr

155

160

165

286/360

gaa aat aaa tct gga gag aat cag tct gta gat aag tct gat act ata 642

Glu Asn Lys Ser Gly Glu Asn Gln Ser Val Asp Lys Ser Asp Thr Ile

170

175

180

5 cca att cca aat ggt gtg gta aca aat aat tct ggt tat att act aat 690

Pro Ile Pro Asn Gly Val Val Thr Asn Asn Ser Gly Tyr Ile Thr Asn

185

190

195

200

ggt tat atg agt aaa gga gca gat aat gat ggt agt gga tct gag agc 738

10 Gly Tyr Met Ser Lys Gly Ala Asp Asn Asp Gly Ser Gly Ser Glu Ser

205

210

215

gga tat aca act cct aaa aaa agg aaa gct agg cgc aat agt gcc aag 786

Gly Tyr Thr Thr Pro Lys Lys Arg Lys Ala Arg Arg Asn Ser Ala Lys

15

220

225

230

ggt tgt gaa aac ctt aat ata gtg cag gac aaa ata atg caa caa gag 834

Gly Cys Glu Asn Leu Asn Ile Val Gln Asp Lys Ile Met Gln Gln Glu

235

240

245

20

acc agt gtc cca acc tta aaa cag gga ctt gaa act ttc aag cct gac 882

Thr Ser Val Pro Thr Leu Lys Gln Gly Leu Glu Thr Phe Lys Pro Asp

250

255

260

25 tat agt gaa caa aag gga aat cga gta gat ggt tcg aag ccc att tgg 930

Tyr Ser Glu Gln Lys Gly Asn Arg Val Asp Gly Ser Lys Pro Ile Trp

265

270

275

280

287/360

aag tat gaa act ggg cct gga gga aca agt cga gga aaa cct gct gtg 978

Lys Tyr Glu Thr Gly Pro Gly Gly Thr Ser Arg Gly Lys Pro Ala Val

285

290

295

5 ggt gat atg ctt cgg aaa agc tca gat agt aaa cct ggt gtg agc agc 1026

Gly Asp Met Leu Arg Lys Ser Ser Asp Ser Lys Pro Gly Val Ser Ser

300

305

310

aaa aag ttt gat gat cgg ccc aaa gga aag cat gct tca gct gtt gcc 1074

10 Lys Lys Phe Asp Asp Arg Pro Lys Gly Lys His Ala Ser Ala Val Ala

315

320

325

tcc aaa gag gac tcg tgg acc cta ttt aaa cca ccc cca gtt ttt cca 1122

Ser Lys Glu Asp Ser Trp Thr Leu Phe Lys Pro Pro Pro Val Phe Pro

15

330

335

340

gtg gac aat agc agt gct aaa ata gtt cct aaa ata agt tat gca agc 1170

Val Asp Asn Ser Ser Ala Lys Ile Val Pro Lys Ile Ser Tyr Ala Ser

345

350

355

360

20

aaa gtt aag gaa aac ctc aac aaa act ata cag aac tct tct gtg tca 1218

Lys Val Lys Glu Asn Leu Asn Lys Thr Ile Gln Asn Ser Ser Val Ser

365

370

375

25 cca act tca tct tca tca tct tca tca tct acc ggg gaa act cag acc 1266

Pro Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Gly Glu Thr Gln Thr

380

385

390

288/360

caa tca tca agt cgc tta tcc cag gtc cct atg tca gcg ctg aaa tct 1314

Gln Ser Ser Ser Arg Leu Ser Gln Val Pro Met Ser Ala Leu Lys Ser

395

400

405

5 gtt act tct gcc aac ttt tct aat ggg cct gtt tta gca ggg act gat 1362

Val Thr Ser Ala Asn Phe Ser Asn Gly Pro Val Leu Ala Gly Thr Asp

410

415

420

gga aat gtt tat cct cca ggg ggt cag cca ctg cta act act gct gct 1410

10 Gly Asn Val Tyr Pro Pro Gly Gly Gln Pro Leu Leu Thr Thr Ala Ala

425

430

435

440

aat act cta aca ccc atc tct tct ggg aca gat tca gtt ctc cag gac 1458

Asn Thr Leu Thr Pro Ile Ser Ser Gly Thr Asp Ser Val Leu Gln Asp

15

445

450

455

atg agt cta act tca gca gct gtt gaa caa att aag act agc ctt ttt 1506

Met Ser Leu Thr Ser Ala Ala Val Glu Gln Ile Lys Thr Ser Leu Phe

460

465

470

20

atc tat cct tca aat atg caa act atg ctg ttg agc aca gca caa gtg 1554

Ile Tyr Pro Ser Asn Met Gln Thr Met Leu Leu Ser Thr Ala Gln Val

475

480

485

25 gat ctg ccc tct cag aca gat cag caa aac ctg ggg gat atc ttc cag 1602

Asp Leu Pro Ser Gln Thr Asp Gln Gln Asn Leu Gly Asp Ile Phe Gln

490

495

500

289/360

aat cag tgg ggt tta tca ttt ata aat gag ccc agt gct ggc cct gag 1650

Asn Gln Trp Gly Leu Ser Phe Ile Asn Glu Pro Ser Ala Gly Pro Glu

505 510 515 520

5 act gtt act ggg aag tca tca gag cat aaa gtg atg gag gtg aca ttt 1698

Thr Val Thr Gly Lys Ser Ser Glu His Lys Val Met Glu Val Thr Phe

525 530 535

caa gga gaa tat cct gct act ttg gtt tca cag ggt gct gaa ata att 1746

10 Gln Gly Glu Tyr Pro Ala Thr Leu Val Ser Gln Gly Ala Glu Ile Ile

540 545 550

ccc tca gga act gag cat cct gtg ttt ccc aag gct tac gag ctg gag 1794

Pro Ser Gly Thr Glu His Pro Val Phe Pro Lys Ala Tyr Glu Leu Glu

15 555 560 565

aaa cgg act agt cct caa gtt ctg ggt agc att cta aaa tct ggg act 1842

Lys Arg Thr Ser Pro Gln Val Leu Gly Ser Ile Leu Lys Ser Gly Thr

570 575 580

20

act agt gag agt gga gcc tta tcc ttg gaa ccc agt cat ata ggt gac 1890

Thr Ser Glu Ser Gly Ala Leu Ser Leu Glu Pro Ser His Ile Gly Asp

585 590 595 600

25 ctg cag aaa gca gac acc agt agt caa ggt gct tta gtg ttt ctc tca 1938

Leu Gln Lys Ala Asp Thr Ser Ser Gln Gly Ala Leu Val Phe Leu Ser

605 610 615

290/360

aag gac tac gag ata gaa agt caa aat cct ctg gcc tct cct acg aac 1986

Lys Asp Tyr Glu Ile Glu Ser Gln Asn Pro Leu Ala Ser Pro Thr Asn

620

625

630

5 act ttg tta ggc tct gcc aaa gaa cag aga tac cag aga ggc cta gaa 2034

Thr Leu Leu Gly Ser Ala Lys Glu Gln Arg Tyr Gln Arg Gly Leu Glu

635

640

645

agg aat gat agc tgg ggt tct ttt gac ctg agg gct gct att gta tat 2082

10 Arg Asn Asp Ser Trp Gly Ser Phe Asp Leu Arg Ala Ala Ile Val Tyr

650

655

660

cac act aaa gaa atg gaa tct att tgg aat ttg cag aag caa gat ccc 2130

His Thr Lys Glu Met Glu Ser Ile Trp Asn Leu Gln Lys Gln Asp Pro

15 665

670

675

680

aaa agg ata atc act tac aat gaa gcc atg gat agt cca gat caa tga 2178

Lys Arg Ile Ile Thr Tyr Asn Glu Ala Met Asp Ser Pro Asp Gln

685

690

695

20

aggaccagac tgcctattcg taacctttct gcagcattag agccatcgtt catgggggac 2238

acaaggcttt tatgctccta gatcttcaac gcagcagagg aaccataagt agaatacacag 2298

25 gataatatat acaaatatat atatatacat atatatatat atagttatit aaaaaaggca 2358

actgaaagta attagacttc ttaaggaatc aaatttatit caagagacta cacatggtta 2418

tttaatctcc ggtactgaat aggttttttt tcttctgtta gtttttgttt ttaagtgtga 2478

atgcaagtga ttaatgaata cagacttaac aagtgtggtt ctaaagttcc tgctgtcatc 2538

5 aacttgggca acaaatgacc cactggaaag gcaaatccac ttaaaagatc tctgtatctt 2598

gttctgtgac tgaagtata cactaatcac ggggaaccca gaatgattca acattttccc 2658

cccactcctc ccttgatctt tttggtttta cttaattaa gccctgcgag aatgctggat 2718

10

aaatgccttg aagttagcag ggtgtatctt ttagcgaat atgatttgca tgtcttgcca 2778

ggagttaagc ggcctctggg gtgttgggga aatactttat ttctttccat ttattttttg 2838

15 tggggcgggg ataggggagg gcattgaagt totacaattc tggaatagtt agttgatggt 2898

acatagttaa cttggcttcg gttacatatt ggactttaac aactgaagaa tctatgcgtg 2958

tcatttaaag aaaagttgca gaacaagcaa ttggottaga tatacaatct ggaaaaatat 3018

20

tcctgtgccc atattttaat gtaattgtat aactgggagc aaaaatatat tctgcttttc 3078

aactgtaggt gctccagact tgctctccgt cactaacact aaatgtgctg ttttccttgt 3138

25 ttttcatcaa acatttaaga caaacttaga cctttctgta aattatcttt taatttctca 3198

gcaaaatcta aaaggggaag aaaaaagtc atgaaaacta aaacttttca tgtttttagc 3258

292/360

cagtgagaag ataataaacc ctgactgtag aaggtgtgtt ttcatgcaaa ctatacttct 3318

gagcttgta gcttctaatt atatcttaat aaatatattt tattactag 3367

5

<210> 130

<211> 695

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10

<400> 130

Met Glu Glu Lys Pro Gly Gln Pro Gln Pro Gln His His His Ser His

1 5 10 15

His His Pro His His His Pro Gln Gln Gln Gln Gln Gln Pro His His

15 20 25 30

His His His Tyr Tyr Phe Tyr Asn His Ser His Asn His His His His

35 40 45

His His His Gln Gln Pro His Gln Tyr Leu Gln His Gly Ala Glu Gly

50 55 60

20 Ser Pro Lys Ala Gln Pro Lys Pro Leu Lys His Glu Gln Lys His Thr

65 70 75 80

Leu Gln Gln His Gln Glu Thr Pro Lys Lys Lys Thr Gly Tyr Gly Glu

85 90 95

Leu Asn Gly Asn Ala Gly Glu Arg Glu Ile Ser Leu Lys Asn Leu Ser

25 100 105 110

Ser Asp Glu Ala Thr Asn Pro Ile Ser Arg Val Leu Asn Gly Asn Gln

115 120 125

Gln Val Val Asp Thr Ser Leu Lys Gln Thr Val Lys Ala Asn Thr Phe

293/360

	130	135	140	
	Gly Lys Ala Gly Ile Lys Thr Lys Asn Phe Ile Gln Lys Asn Ser Met			
	145	150	155	160
	Asp Lys Lys Asn Gly Lys Ser Tyr Glu Asn Lys Ser Gly Glu Asn Gln			
5	165	170	175	
	Ser Val Asp Lys Ser Asp Thr Ile Pro Ile Pro Asn Gly Val Val Thr			
	180	185	190	
	Asn Asn Ser Gly Tyr Ile Thr Asn Gly Tyr Met Ser Lys Gly Ala Asp			
	195	200	205	
10	Asn Asp Gly Ser Gly Ser Glu Ser Gly Tyr Thr Thr Pro Lys Lys Arg			
	210	215	220	
	Lys Ala Arg Arg Asn Ser Ala Lys Gly Cys Glu Asn Leu Asn Ile Val			
	225	230	235	240
	Gln Asp Lys Ile Met Gln Gln Glu Thr Ser Val Pro Thr Leu Lys Gln			
15	245	250	255	
	Gly Leu Glu Thr Phe Lys Pro Asp Tyr Ser Glu Gln Lys Gly Asn Arg			
	260	265	270	
	Val Asp Gly Ser Lys Pro Ile Trp Lys Tyr Glu Thr Gly Pro Gly Gly			
	275	280	285	
20	Thr Ser Arg Gly Lys Pro Ala Val Gly Asp Met Leu Arg Lys Ser Ser			
	290	295	300	
	Asp Ser Lys Pro Gly Val Ser Ser Lys Lys Phe Asp Asp Arg Pro Lys			
	305	310	315	320
	Gly Lys His Ala Ser Ala Val Ala Ser Lys Glu Asp Ser Trp Thr Leu			
25	325	330	335	
	Phe Lys Pro Pro Pro Val Phe Pro Val Asp Asn Ser Ser Ala Lys Ile			
	340	345	350	
	Val Pro Lys Ile Ser Tyr Ala Ser Lys Val Lys Glu Asn Leu Asn Lys			

294/360

	355	360	365	
	Thr Ile Gln Asn Ser Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser			
	370	375	380	
	Ser Ser Thr Gly Glu Thr Gln Thr Gln Ser Ser Ser Arg Leu Ser Gln			
5	385	390	395	400
	Val Pro Met Ser Ala Leu Lys Ser Val Thr Ser Ala Asn Phe Ser Asn			
	405	410	415	
	Gly Pro Val Leu Ala Gly Thr Asp Gly Asn Val Tyr Pro Pro Gly Gly			
	420	425	430	
10	Gln Pro Leu Leu Thr Thr Ala Ala Asn Thr Leu Thr Pro Ile Ser Ser			
	435	440	445	
	Gly Thr Asp Ser Val Leu Gln Asp Met Ser Leu Thr Ser Ala Ala Val			
	450	455	460	
	Glu Gln Ile Lys Thr Ser Leu Phe Ile Tyr Pro Ser Asn Met Gln Thr			
15	465	470	475	480
	Met Leu Leu Ser Thr Ala Gln Val Asp Leu Pro Ser Gln Thr Asp Gln			
	485	490	495	
	Gln Asn Leu Gly Asp Ile Phe Gln Asn Gln Trp Gly Leu Ser Phe Ile			
	500	505	510	
20	Asn Glu Pro Ser Ala Gly Pro Glu Thr Val Thr Gly Lys Ser Ser Glu			
	515	520	525	
	His Lys Val Met Glu Val Thr Phe Gln Gly Glu Tyr Pro Ala Thr Leu			
	530	535	540	
	Val Ser Gln Gly Ala Glu Ile Ile Pro Ser Gly Thr Glu His Pro Val			
25	545	550	555	560
	Phe Pro Lys Ala Tyr Glu Leu Glu Lys Arg Thr Ser Pro Gln Val Leu			
	565	570	575	
	Gly S r Ile Leu Lys Ser Gly Thr Thr Ser Glu Ser Gly Ala Leu Ser			

295/360

580 585 590
Leu Glu Pro Ser His Ile Gly Asp Leu Gln Lys Ala Asp Thr Ser Ser
595 600 605
Gln Gly Ala Leu Val Phe Leu Ser Lys Asp Tyr Glu Ile Glu Ser Gln
5 610 615 620
Asn Pro Leu Ala Ser Pro Thr Asn Thr Leu Leu Gly Ser Ala Lys Glu
625 630 635 640
Gln Arg Tyr Gln Arg Gly Leu Glu Arg Asn Asp Ser Trp Gly Ser Phe
645 650 655
10 Asp Leu Arg Ala Ala Ile Val Tyr His Thr Lys Glu Met Glu Ser Ile
660 665 670
Trp Asn Leu Gln Lys Gln Asp Pro Lys Arg Ile Ile Thr Tyr Asn Glu
675 680 685
Ala Met Asp Ser Pro Asp Gln
15 690 695

<210> 131

<211> 1290

20 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

25 <222> (100).. (699)

<400>. 131

aaaaacaaag gagcggcggc cgggagcgga cttaccttac cttctctgcc ttcggcggc 60

1 5

aaa cac ctg ttc aac ctg aag ttc gcg gcc aaa gaa ctg agt agg agt 162

Lys His Leu Phe Asn Leu Lys Phe Ala Ala Lys Glu Leu Ser Arg Ser

10 15 20

10 gcc aaa aaa tgc gat aag gag gaa aag gcc gaa aag gcc aaa att aaa 210

Ala Lys Lys Cys Asp Lys Glu Glu Lys Ala Glu Lys Ala Lys Ile Lys

25 30 35

aag gcc att cag aag ggc aac atg gaa gtt gcg agg ata cac gcc gaa 258

15 Lys Ala Ile Gln Lys Gly Asn Met Glu Val Ala Arg Ile His Ala Glu

40 45 50

aat gcc atc cgc cag aag aac cag gcg gtg aat ttc ttg aga atg agt 306

Asn Ala Ile Arg Gln Lys Asn Gln Ala Val Asn Phe Leu Arg Met Ser

20 55 60 65

gcg cga gtc gat gca gtg gct gcc agg gtc cag acg gcg gtg acg atg 354

Ala Arg Val Asp Ala Val Ala Ala Arg Val Gln Thr Ala Val Thr Met

70 75 80 85

ggc aag gtg acc aag tcg atg gct ggt gtg gtt aag tcg atg gat gcg 402

Gly Lys Val Thr Lys Ser Met Ala Gly Val Val Lys Ser Met Asp Ala

90 95 100

297/360

aca ttg aag acc atg aat ctg gag aag att tct gct ttg atg gac aaa 450

Thr Leu Lys Thr Met Asn Leu Glu Lys Ile Ser Ala Leu Met Asp Lys

105

110

115

5

ttc gag cac cag ttt gag act ctg gac gtc cag acg cag caa atg gaa 498

Phe Glu His Gln Phe Glu Thr Leu Asp Val Gln Thr Gln Gln Met Glu

120

125

130

10

gac acg atg agc agc acg acg acg ctc acc act ccc cag aac caa gtg 546

Asp Thr Met Ser Ser Thr Thr Thr Leu Thr Thr Pro Gln Asn Gln Val

135

140

145

gat atg ctg ctc cag gaa atg gca gat gag gcg ggc ctc gac ctc aac 594

15

Asp Met Leu Leu Gln Glu Met Ala Asp Glu Ala Gly Leu Asp Leu Asn

150

155

160

165

atg gag ctg ccg cag ggc cag acc ggc tcc gtg ggc acg agc gtg gct 642

Met Glu Leu Pro Gln Gly Gln Thr Gly Ser Val Gly Thr Ser Val Ala

20

170

175

180

tcg gcg gag cag gat gaa ctg tct cag aga ctg gcc cgc ctt cgg gat 690

Ser Ala Glu Gln Asp Glu Leu Ser Gln Arg Leu Ala Arg Leu Arg Asp

185

190

195

25

caa gtg tga cggcagaacc cgctctgagg ttctctggcc atagccaccc 739

Gln Val

200

tttgaaatgc tctctgtgtg ttagagagat actataccct agaaactctg aacacgccag 799

aatgctgaaa tgcccttcta cctttgggtt tacagcccc tccacataaa ttaagaaatt 859

5

cagtatttct gcactcttag ctggattcta aagttctgta tagctcgtaa tgatggtatt 919

tttatagcag ccttttaaca gaactagtta atttcgtgta tatgaatctt tctcgaagat 979

10 ctggtcaaaa ctgtattcag tttcctgccc agaatgatca gattgaaggt ggttggtttt 1039

tattattatt tagtgtgatt gatagtatct agaatggcag gtggtgcata aaagttaaag 1099

agagggggaaa gattacttag tttgggttata cagttataaa caccatgcag tgtattcgggt 1159

15

ggactgtgct atttctgttt atcctttggg ttttggtttt tgtttttttt ttttgccttc 1219

acagtgcagac tgcaaatgat tgttctcata acgtatatta ttaataaatg tggtcctata 1279

20 atttatactg g

1290

<210> 132

<211> 199

25 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 132

299/360

Met Ser Asn Met Glu Lys His Leu Phe Asn Leu Lys Phe Ala Ala Lys
 1 5 10 15
 Glu Leu Ser Arg Ser Ala Lys Lys Cys Asp Lys Glu Glu Lys Ala Glu
 20 25 30
 5 Lys Ala Lys Ile Lys Lys Ala Ile Gln Lys Gly Asn Met Glu Val Ala
 35 40 45
 Arg Ile His Ala Glu Asn Ala Ile Arg Gln Lys Asn Gln Ala Val Asn
 50 55 60
 Phe Leu Arg Met Ser Ala Arg Val Asp Ala Val Ala Ala Arg Val Gln
 10 65 70 75 80
 Thr Ala Val Thr Met Gly Lys Val Thr Lys Ser Met Ala Gly Val Val
 85 90 95
 Lys Ser Met Asp Ala Thr Leu Lys Thr Met Asn Leu Glu Lys Ile Ser
 100 105 110
 15 Ala Leu Met Asp Lys Phe Glu His Gln Phe Glu Thr Leu Asp Val Gln
 115 120 125
 Thr Gln Gln Met Glu Asp Thr Met Ser Ser Thr Thr Thr Leu Thr Thr
 130 135 140
 Pro Gln Asn Gln Val Asp Met Leu Leu Gln Glu Met Ala Asp Glu Ala
 20 145 150 155 160
 Gly Leu Asp Leu Asn Met Glu Leu Pro Gln Gly Gln Thr Gly Ser Val
 165 170 175
 Gly Thr Ser Val Ala Ser Ala Glu Gln Asp Glu Leu Ser Gln Arg Leu
 180 185 190
 25 Ala Arg Leu Arg Asp Gln Val
 195

<210> 133

<211> 564

<212> DNA

<213> Homo sapiens

5

<220>

<221> CDS

<222> (24).. (380)

10 <400> 133

gcotgccggg agcttggtgc gct atg gcg aca ccc agc ctg cgg ggt cgt ctg 53

Met Ala Thr Pro Ser Leu Arg Gly Arg Leu

1

5

10

15 gcg cgg ttt ggg aac ccg cgg aag cct gtg ctg aag ccc aat aaa cct 101

Ala Arg Phe Gly Asn Pro Arg Lys Pro Val Leu Lys Pro Asn Lys Pro

15

20

25

ctc att cta gct aac cgc gtc ggg gag cgg cgc cgg gag aag ggc gag 149

20 Leu Ile Leu Ala Asn Arg Val Gly Glu Arg Arg Arg Glu Lys Gly Glu

30

35

40

gcg act tgc atc acg gag atg tcg gtg atg atg gct tgc tgg aag cag 197

Ala Thr Cys Ile Thr Glu Met Ser Val Met Met Ala Cys Trp Lys Gln

25

45

50

55

aat gaa ttc cgc gac gat gcg tgc aga aaa gag atc cag ggc ttc ctc 245

Asn Glu Phe Arg Asp Asp Ala Cys Arg Lys Glu Ile Gln Gly Phe Leu

301/360

60

65

70

gat tgt gcc gcg agg gct cag gaa gcc cga aag atg aga tca ata cag 293

Asp Cys Ala Ala Arg Ala Gln Glu Ala Arg Lys Met Arg Ser Ile Gln

5 75 80 85 90

gaa acc ctg gga gag tct ggg agt tta ctt cca aat aaa ttg aat aag 341

Glu Thr Leu Gly Glu Ser Gly Ser Leu Leu Pro Asn Lys Leu Asn Lys

95 100 105

10

ttg tta cag agg ttt cct aac aaa cct tac ctc agc tga aaatggacaa 390

Leu Leu Gln Arg Phe Pro Asn Lys Pro Tyr Leu Ser

110 115

15 gtattttcaa tgactgaaat atagcttctg acaactatgc agaggcattt tagagacatt 450

ggcattgccca tgccctcttt ggagggtaga agaggcaaaa cacttttttc accctttgga 510

atcatagtat gggtagaagt tatgatttat cttgaaataa aatcctctga acag 564

20

<210> 134

<211> 118

<212> PRT

25 <213> Homo sapiens

<400> 134

Met Ala Thr Pro Ser Leu Arg Gly Arg Leu Ala Arg Ph Gly Asn Pro

302/360

1 5 10 15
 Arg Lys Pro Val Leu Lys Pro Asn Lys Pro Leu Ile Leu Ala Asn Arg
 20 25 30
 Val Gly Glu Arg Arg Arg Glu Lys Gly Glu Ala Thr Cys Ile Thr Glu
 5 35 40 45
 Met Ser Val Met Met Ala Cys Trp Lys Gln Asn Glu Phe Arg Asp Asp
 50 55 60
 Ala Cys Arg Lys Glu Ile Gln Gly Phe Leu Asp Cys Ala Ala Arg Ala
 65 70 75 80
 10 Gln Glu Ala Arg Lys Met Arg Ser Ile Gln Glu Thr Leu Gly Glu Ser
 85 90 95
 Gly Ser Leu Leu Pro Asn Lys Leu Asn Lys Leu Leu Gln Arg Phe Pro
 100 105 110
 Asn Lys Pro Tyr Leu Ser
 15 115

<210> 135

<211> 904

20 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

25 <222> (467).. (811)

<400> 135

actctgcgtg cgccggaggc tgccgtggcg ggtggggccgc ctgacttctc ctcccggcca 60

303/360

gttctcgagc gcctcaccgg gcctcgccct gcagcctcgc totcgctggc gctgcgcggc 120

ctaggggact gggctgctgg cctccgggtg cggggtgggg gcaggctccg acctggggcg 180

5

tcctggccgc gcgagccgcg ggatgggggc ccgggccgcg gaggaggcgc cgctggtgtg 240

tcccttggtg gagagggcgc tgccggccct gcgcggtttc cagccaggaa gcttcgggaa 300

10 gcctggacgt ctgctcactg gagatgacac gtgcgtgggg tgttggcatt ctgtttattt 360

aacacgggaa ggaggtgact tcgcctgtga tggacttcca gtgtgagcac tggccagagt 420

gaccaggctg accagcacca gccctgatcc agatgcagag gccagg atg tgg gcc 475

15

Met Trp Ala

1

cag ccc tgt gcc agg agg ctg gct gga ata aag gta cag ata gag gcc 523

Gln Pro Cys Ala Arg Arg Leu Ala Gly Ile Lys Val Gln Ile Glu Ala

20

5

10

15

tca ccc cct ctg gga cca ctg gca ctc agg gtg ttt gca gcc tca gag 571

Ser Pro Pro Leu Gly Pro Leu Ala Leu Arg Val Phe Ala Ala Ser Glu

20

25

30

35

25

ccc acc tgc ccc cag ggc cac agc tgc atc tcc tgc cct gct gtc att 619

Pro Thr Cys Pro Gln Gly His Ser Cys Ile S r Cys Pro Ala Val Ile

40

45

50

aca ggg atg ggc agg ctg gca tgg ggg cac ccg ctg ccc ctg cct ggg 667

Thr Gly Met Gly Arg Leu Ala Trp Gly His Pro Leu Pro Leu Pro Gly

55

60

65

5

tgt tgc tgt gta ttc ctg ccg gcc agg ggc cac tgc cag gac cac gcc 715

Cys Cys Cys Val Phe Leu Pro Ala Arg Gly His Cys Gln Asp His Ala

70

75

80

10 tcc ctt ttc ata tcc cga ttc tta agt tct gct att gtg gta ttc tgg 763

Ser Leu Phe Ile Ser Arg Phe Leu Ser Ser Ala Ile Val Val Phe Trp

85

90

95

tgg aga aaa aag aac cgc gtg gct gtt ttt gaa ctg cct gga acc taa 811

15 Trp Arg Lys Lys Asn Arg Val Ala Val Phe Glu Leu Pro Gly Thr

100

105

110

115

gaccotgaat tcttttcccc cccaagggga aaatctatat ggaaaacatt tattttaaaa 871

20 tacaggatga agtgaattaa aagatttaaa tgc

904

<210> 136

<211> 114

25 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 136

Met Trp Ala Gln Pro Cys Ala Arg Arg Leu Ala Gly Ile Lys Val Gln
1 5 10 15
Ile Glu Ala Ser Pro Pro Leu Gly Pro Leu Ala Leu Arg Val Phe Ala
20 25 30
5 Ala Ser Glu Pro Thr Cys Pro Gln Gly His Ser Cys Ile Ser Cys Pro
35 40 45
Ala Val Ile Thr Gly Met Gly Arg Leu Ala Trp Gly His Pro Leu Pro
50 55 60
Leu Pro Gly Cys Cys Cys Val Phe Leu Pro Ala Arg Gly His Cys Gln
10 65 70 75 80
Asp His Ala Ser Leu Phe Ile Ser Arg Phe Leu Ser Ser Ala Ile Val
85 90 95
Val Phe Trp Trp Arg Lys Lys Asn Arg Val Ala Val Phe Glu Leu Pro
100 105 110
15 Gly Thr

<210> 137

20 <211> 472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

25 <221> CDS

<222> (90).. (353)

<400> 137

306/360

aatttcgct tccggtagtg agaacccttc cggtgggcta ggtactgagc gcgcgaggct 60

ctacagagtg aaggttttaa tccaaggctc atg gca aaa cat ctg aag ttc atc 113

Met Ala Lys His Leu Lys Phe Ile

5

1

5

gcc agg act gtg atg gta cag gaa ggg aac gtg gaa agc gca tac agg 161

Ala Arg Thr Val Met Val Gln Glu Gly Asn Val Glu Ser Ala Tyr Arg

10

15

20

10

acc cta aac aga atc ctc act atg gat ggg ctc att gag gac att aag 209

Thr Leu Asn Arg Ile Leu Thr Met Asp Gly Leu Ile Glu Asp Ile Lys

25

30

35

40

15 cat cgg cgg tat tat gag aag cca tgc cgc cgg cga cag agg gaa agc 257

His Arg Arg Tyr Tyr Glu Lys Pro Cys Arg Arg Arg Gln Arg Glu Ser

45

50

55

tat gaa agg tgc cgg cgg atc tac aac atg gaa atg gct cgc aag atc 305

20 Tyr Glu Arg Cys Arg Arg Ile Tyr Asn Met Glu Met Ala Arg Lys Ile

60

65

70

aac ttc ttg atg cga aag aat cgg gca gat ccg tgg cag ggc tgc tga 353

Asn Phe Leu Met Arg Lys Asn Arg Ala Asp Pro Trp Gln Gly Cys

25

75

80

85

ggcctgtggg tgggacaccc agtgogaaac cctcatccag ttttctctcc atctcttttc 413

307/360

tttgtaaat cccatttcct attaccattc tctgcaataa actcaaataca catgtctgc 472

<210> 138

5 <211> 87

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 138

10 Met Ala Lys His Leu Lys Phe Ile Ala Arg Thr Val Met Val Gln Glu

1 5 10 15

Gly Asn Val Glu Ser Ala Tyr Arg Thr Leu Asn Arg Ile Leu Thr Met

20 25 30

Asp Gly Leu Ile Glu Asp Ile Lys His Arg Arg Tyr Tyr Glu Lys Pro

15 35 40 45

Cys Arg Arg Arg Gln Arg Glu Ser Tyr Glu Arg Cys Arg Arg Ile Tyr

50 55 60

Asn Met Glu Met Ala Arg Lys Ile Asn Phe Leu Met Arg Lys Asn Arg

65 70 75 80

20 Ala Asp Pro Trp Gln Gly Cys

85

<210> 139

25 <211> 180

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49).. (168)

5 <400> 139

attatatatg aattccattc aaatcgttcc tttttgttaa caaggggc atg ggg agg 57

Met Gly Arg

1

10 ggt ggg ggt ggg ggg gca gag gcg tct gac ccc agg aac ctg cag ggc 105

Gly Gly Gly Gly Gly Ala Glu Ala Ser Asp Pro Arg Asn Leu Gln Gly

5

10

15

ggg gct ggg tcg gtg ccc tct aag gac aat ttt gac ctt gtt caa cct 153

15 Gly Ala Gly Ser Val Pro Ser Lys Asp Asn Phe Asp Leu Val Gln Pro

20

25

30

35

ttc cac aaa gaa taa attgtgttcc ac

180

Phe His Lys Glu

20

40

<210> 140

<211> 39

25 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 140

309/360

Met Gly Arg Gly Gly Gly Gly Gly Ala Glu Ala Ser Asp Pro Arg Asn

1

5

10

15

Leu Gln Gly Gly Ala Gly Ser Val Pro Ser Lys Asp Asn Phe Asp Leu

20

25

30

5 Val Gln Pro Phe His Lys Glu

35

10 <210> 141

<211> 473

<212> DNA

<213> Homo sapiens

15 <220>

<221> CDS

<222> (35).. (343)

<400> 141

20 gagacgcaga gtcttgagca gcgcggcagg cacc atg ttc ctg act gcg ctc ctc 55

Met Phe Leu Thr Ala Leu Leu

1

5

tgg cgc ggc cgc att ccc ggc cgt cag tgg atc ggg aag cac cgg cgg 103

25 Trp Arg Gly Arg Ile Pro Gly Arg Gln Trp Ile Gly Lys His Arg Arg

10

15

20

ccg cgg ttc gtg tcg ttg cgc gcc aag cag aac atg atc cgc cgc ctg 151

310/360

Pro Arg Phe Val Ser Leu Arg Ala Lys Gln Asn Met Ile Arg Arg Leu

25

30

35

gag atc gag gcg gag aac cat tac tgg ctg agc atg ccc tac atg acc 199

5 Glu Ile Glu Ala Glu Asn His Tyr Trp Leu Ser Met Pro Tyr Met Thr

40

45

50

55

cgg gag cag gag cgc ggc cac gcc gcg gtg cgc agg agg gag gcc ttc 247

Arg Glu Gln Glu Arg Gly His Ala Ala Val Arg Arg Arg Glu Ala Phe

10

60

65

70

gag gcc ata aag gcg gcc gcc act tcc aag ttc ccc ccg cat aga ttc 295

Glu Ala Ile Lys Ala Ala Ala Thr Ser Lys Phe Pro Pro His Arg Phe

75

80

85

15

att gcg gac cag ctc gac cat ctc aat gtc acc aag aaa tgg tcc taa 343

Ile Ala Asp Gln Leu Asp His Leu Asn Val Thr Lys Lys Trp Ser

90

95

100

20 tcctgagtcg tcacccttg attttatgga tcacggagct gaccatcttt acctggtcct 403

ggaactgaaa aactgtagct tgtgtgaaaa tgagccttg gaccagtctt tattaaaaca 463

aacaacatg

473

25

<210> 142

<211> 102

311/360

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 142

5 Met Phe Leu Thr Ala Leu Leu Trp Arg Gly Arg Ile Pro Gly Arg Gln
1 5 10 15
Trp Ile Gly Lys His Arg Arg Pro Arg Phe Val Ser Leu Arg Ala Lys
20 25 30
Gln Asn Met Ile Arg Arg Leu Glu Ile Glu Ala Glu Asn His Tyr Trp
10 35 40 45
Leu Ser Met Pro Tyr Met Thr Arg Glu Gln Glu Arg Gly His Ala Ala
50 55 60
Val Arg Arg Arg Glu Ala Phe Glu Ala Ile Lys Ala Ala Ala Thr Ser
65 70 75 80
15 Lys Phe Pro Pro His Arg Phe Ile Ala Asp Gln Leu Asp His Leu Asn
85 90 95
Val Thr Lys Lys Trp Ser
100

20

<210> 143

<211> 1664

<212> DNA

<213> Homo sapiens

25

<220>

<221> CDS

<222> (106).. (1131)

312/360

<400> 143

tctggcactg aggccctcgc cacctgcctc gccacctggc gaccctgacc ccaccacact 60

5 gccttgagag tcgctcaaaa gtagggcccc agggctcgca gcagc atg ggc acc gag 117

Met Gly Thr Glu

1

aaa gaa agc cca gag ccc gac tgc cag aaa cag ttc cag gct gca gtg 165

10 Lys Glu Ser Pro Glu Pro Asp Cys Gln Lys Gln Phe Gln Ala Ala Val

5

10

15

20

agc gtc atc cag aac ctg ccc aag aac ggt tct tac cgc ccc tcc tat 213

Ser Val Ile Gln Asn Leu Pro Lys Asn Gly Ser Tyr Arg Pro Ser Tyr

15

25

30

35

gaa gag atg ctg cga ttc tac agt tac tac aag cag gcc acc atg ggg 261

Glu Glu Met Leu Arg Phe Tyr Ser Tyr Tyr Lys Gln Ala Thr Met Gly

40

45

50

20

ccc tgc ctg gtc ccc cgg ccc ggg ttc tgg gac ccc att gga cga tat 309

Pro Cys Leu Val Pro Arg Pro Gly Phe Trp Asp Pro Ile Gly Arg Tyr

55

60

65

25 aag tgg gac gcc tgg aac agt ctg ggc aag atg agc agg gag gag gcc 357

Lys Trp Asp Ala Trp Asn Ser Leu Gly Lys Met Ser Arg Glu Glu Ala

70

75

80

atg tct gcc tac atc act gaa atg aaa ctg gtg gca cag aag gtg atc 405
 Met Ser Ala Tyr Ile Thr Glu Met Lys Leu Val Ala Gln Lys Val Ile
 85 90 95 100

5 gac aca gtg ccc ctg ggt gag gtg gca gag gac atg ttt ggt tac ttc 453
 Asp Thr Val Pro Leu Gly Glu Val Ala Glu Asp Met Phe Gly Tyr Phe
 105 110 115

gag ccc ctg tac cag gtg atc cct gac atg ccg agg ccc cca gag acc 501
 10 Glu Pro Leu Tyr Gln Val Ile Pro Asp Met Pro Arg Pro Pro Glu Thr
 120 125 130

ttc ctg aga agg gtc aca ggt tgg aaa gag cag gtt gtg aat gga gat 549
 Phe Leu Arg Arg Val Thr Gly Trp Lys Glu Gln Val Val Asn Gly Asp
 15 135 140 145

gtt ggg gct gtt tca gag cct ccc tgc ctc ccc aag gaa ccg gca ccc 597
 Val Gly Ala Val Ser Glu Pro Pro Cys Leu Pro Lys Glu Pro Ala Pro
 150 155 160

20 cca agc cca gct tcc ctc tgg gca gta act cta cca acc cct cca cag 645
 Pro Ser Pro Ala Ser Leu Trp Ala Val Thr Leu Pro Thr Pro Pro Gln
 165 170 175 180

25 agt ccc att cac cca ggg acc tgg act ccg agg ttt tct gtg att ccc 693
 Ser Pro Ile His Pro Gly Thr Trp Thr Pro Arg Phe Ser Val Ile Pro
 185 190 195

tgg agc agc tgg agc ctg agc tgg ttt gga cag agc agc ggg cag cat 741

Trp Ser Ser Trp Ser Leu Ser Trp Phe Gly Gln Ser Ser Gly Gln His

200

205

210

5 ctg gag gaa agc gtg atc cca gga aca gcc ccg tgc ccc cca caa aga 789

Leu Glu Glu Ser Val Ile Pro Gly Thr Ala Pro Cys Pro Pro Gln Arg

215

220

225

aag agg ggt tgc ggg gca gcc cgc cgg ggc ccc agg agt tgg acg tgt 837

10 Lys Arg Gly Cys Gly Ala Ala Arg Arg Gly Pro Arg Ser Trp Thr Cys

230

235

240

ggc tgc tgg gga cag ttc gag cac tac agg aga gca tgc agg agg tgc 885

Gly Cys Trp Gly Gln Phe Glu His Tyr Arg Arg Ala Cys Arg Arg Cys

15 245

250

255

260

agg cga ggg tgc aga gcc tgg aga gca tgc ccc ggc ccc ctg agc aga 933

Arg Arg Gly Cys Arg Ala Trp Arg Ala Cys Pro Gly Pro Leu Ser Arg

265

270

275

20

ggc cgc agc cca ggc cca gtg ctc ggc cat ggc ccc ttg ggc tcc cgg 981

Gly Arg Ser Pro Gly Pro Val Leu Gly His Gly Pro Leu Gly Ser Arg

280

285

290

25 ggc ccg cgc tgc tct tct tcc tcc tgt ggc cct tcg tcg tcc agt ggc 1029

Gly Pro Arg Cys Ser Ser Ser Ser Cys Gly Pro Ser Ser Ser Ser Gly

295

300

305

315/360

tct tcc gaa tgt ttc gga ccc aaa aga ggt gac tgt cag tgg agg ggt 1077

Ser Ser Glu Cys Phe Gly Pro Lys Arg Gly Asp Cys Gln Trp Arg Gly

310

315

320

5 ctc tgc agc caa ctg aga cta tct tgc tgt gcc ctg agc ctt cct agg 1125

Leu Cys Ser Gln Leu Arg Leu Ser Cys Cys Ala Leu Ser Leu Pro Arg

325

330

335

340

gtt tag aagaacagca ttcaaaattc cccgtcctgt cagtgtttgc cttcgcacct 1181

10 Val

cctcccctaa agcagcgcgg ggggcaaata agaccccacc cctccctgca gcttcacagg 1241

gacgtttcct tccctccccg caaccacccc aggctcccct gggaggctgc agttgtggta 1301

15

cacgtccccg gtgctgggtt ggccgtgact cgggggcggg gcgatcgggt ctcagcccct 1361

gccttcccca gtctctgggt caccogaatt ttcccacccc tgcttctccc cgaggagggt 1421

20 gagctottga gcaagtggg acttgggccg gggcctggaa gaatgattgg ctgggaggcc 1481

gcgggaggga ggccaggagg cccggaccag ttgggaggag tgagcaggcc ccgggggagg 1541

gggatgagcg cagtttgctc gctttcctcc cctgccggcc ccctccgcc ccacacacac 1601

25

tcgggacgtc ttcatagaag attcacttac aaaggaatgt ttactaaat aaaagaaaac 1661

cag

1664

316/360

<210> 144

<211> 341

5 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 144

Met Gly Thr Glu Lys Glu Ser Pro Glu Pro Asp Cys Gln Lys Gln Phe
10 1 5 10 15
Gln Ala Ala Val Ser Val Ile Gln Asn Leu Pro Lys Asn Gly Ser Tyr
20 25 30
Arg Pro Ser Tyr Glu Glu Met Leu Arg Phe Tyr Ser Tyr Tyr Lys Gln
35 40 45
15 Ala Thr Met Gly Pro Cys Leu Val Pro Arg Pro Gly Phe Trp Asp Pro
50 55 60
Ile Gly Arg Tyr Lys Trp Asp Ala Trp Asn Ser Leu Gly Lys Met Ser
65 70 75 80
Arg Glu Glu Ala Met Ser Ala Tyr Ile Thr Glu Met Lys Leu Val Ala
20 85 90 95
Gln Lys Val Ile Asp Thr Val Pro Leu Gly Glu Val Ala Glu Asp Met
100 105 110
Phe Gly Tyr Phe Glu Pro Leu Tyr Gln Val Ile Pro Asp Met Pro Arg
115 120 125
25 Pro Pro Glu Thr Phe Leu Arg Arg Val Thr Gly Trp Lys Glu Gln Val
130 135 140
Val Asn Gly Asp Val Gly Ala Val Ser Glu Pro Pro Cys Leu Pro Lys
145 150 155 160

317/360

Glu Pro Ala Pro Pro Ser Pro Ala Ser Leu Trp Ala Val Thr Leu Pro
 165 170 175
 Thr Pro Pro Gln Ser Pro Ile His Pro Gly Thr Trp Thr Pro Arg Phe
 180 185 190
 5 Ser Val Ile Pro Trp Ser Ser Trp Ser Leu Ser Trp Phe Gly Gln Ser
 195 200 205
 Ser Gly Gln His Leu Glu Glu Ser Val Ile Pro Gly Thr Ala Pro Cys
 210 215 220
 Pro Pro Gln Arg Lys Arg Gly Cys Gly Ala Ala Arg Arg Gly Pro Arg
 10 225 230 235 240
 Ser Trp Thr Cys Gly Cys Trp Gly Gln Phe Glu His Tyr Arg Arg Ala
 245 250 255
 Cys Arg Arg Cys Arg Arg Gly Cys Arg Ala Trp Arg Ala Cys Pro Gly
 260 265 270
 15 Pro Leu Ser Arg Gly Arg Ser Pro Gly Pro Val Leu Gly His Gly Pro
 275 280 285
 Leu Gly Ser Arg Gly Pro Arg Cys Ser Ser Ser Ser Cys Gly Pro Ser
 290 295 300
 Ser Ser Ser Gly Ser Ser Glu Cys Phe Gly Pro Lys Arg Gly Asp Cys
 20 305 310 315 320
 Gln Trp Arg Gly Leu Cys Ser Gln Leu Arg Leu Ser Cys Cys Ala Leu
 325 330 335
 Ser Leu Pro Arg Val
 340

25

<210> 145

<211> 835

318/360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

5 <221> CDS

<222> (90).. (740)

<400> 145

aaaaatccga agtgccgcgg aaagtggaga gctgacaagg aaggtttcga gcgttttgct 60

10

ggcaaaggga ttctttacaa cctccaggc atg cgt ctt tct gcc ctg ctg gcc 113

Met Arg Leu Ser Ala Leu Leu Ala

1

5

15 ttg gca tcc aag gtc act ctg ccc ccc cat tac cgc tat ggg atg agc 161

Leu Ala Ser Lys Val Thr Leu Pro Pro His Tyr Arg Tyr Gly Met Ser

10

15

20

ccc cca ggc tct gtt gca gac aag agg aag aac ccc cca tgg atc agg 209

20 Pro Pro Gly Ser Val Ala Asp Lys Arg Lys Asn Pro Pro Trp Ile Arg

25

30

35

40

cgg cgc cca gtg gtt gtg gaa ccc atc tct gat gaa gac tgg tat ctg 257

Arg Arg Pro Val Val Val Glu Pro Ile Ser Asp Glu Asp Trp Tyr Leu

25

45

50

55

ttc tgt ggg gac acg gtg gag atc cta gaa ggc aag gat gcc ggg aag 305

Phe Cys Gly Asp Thr Val Glu Ile Leu Glu Gly Lys Asp Ala Gly Lys

319/360

60

65

70

cag ggc aaa gtg gtt caa gtt atc cgg cag cga aac tgg gtg gtc gtg 353

Gln Gly Lys Val Val Gln Val Ile Arg Gln Arg Asn Trp Val Val Val

5

75

80

85

gga ggg ctg aac aca cat tac cgc tac att ggc aag acc atg gat tac 401

Gly Gly Leu Asn Thr His Tyr Arg Tyr Ile Gly Lys Thr Met Asp Tyr

90

95

100

10

cgg gga acc atg atc cct agt gaa gcc ccc ttg ctc cac cgc cag gtc 449

Arg Gly Thr Met Ile Pro Ser Glu Ala Pro Leu Leu His Arg Gln Val

105

110

115

120

15 aaa ctt gtg gat cct atg gac agg aaa ccc act gag atc gag tgg aga 497

Lys Leu Val Asp Pro Met Asp Arg Lys Pro Thr Glu Ile Glu Trp Arg

125

130

135

ttt act gaa gca gga gag cgg gta cga gtc tcc aca cga tca ggg aga 545

20 Phe Thr Glu Ala Gly Glu Arg Val Arg Val Ser Thr Arg Ser Gly Arg

140

145

150

att atc cct aaa ccc gaa ttt ccc aga gct gat ggc atc gtc cct gaa 593

Ile Ile Pro Lys Pro Glu Phe Pro Arg Ala Asp Gly Ile Val Pro Glu

25

155

160

165

acg tgg att gat ggc ccc aaa gac aca tca gtg gaa gat gct tta gaa 641

Thr Trp Ile Asp Gly Pro Lys Asp Thr Ser Val Glu Asp Ala Leu Glu

320/360

170

175

180

aga acc tat gtg ccc tgt cta aag aca ctg cag gag gag gtg atg gag 689

Arg Thr Tyr Val Pro Cys Leu Lys Thr Leu Gln Glu Glu Val Met Glu

5 185 190 195 200

gcc atg ggg atc aag gag acc cgg aaa tac aag aag gtc tat tgg tat 737

Ala Met Gly Ile Lys Glu Thr Arg Lys Tyr Lys Lys Val Tyr Trp Tyr

205 210 215

10

tga gcctggggca gagcagctcc tccccaactt ctgtcccagc cttgaaggct 790

gaggcacttc tttttcagat gccaataaag agcactttat gagtc 835

15

<210> 146

<211> 216

<212> PRT

20 <213> Homo sapiens

<400> 146

Met Arg Leu Ser Ala Leu Leu Ala Leu Ala Ser Lys Val Thr Leu Pro

1 5 10 15

25 Pro His Tyr Arg Tyr Gly Met Ser Pro Pro Gly Ser Val Ala Asp Lys

20 25 30

Arg Lys Asn Pro Pro Trp Ile Arg Arg Arg Pro Val Val Val Glu Pro

35 40 45

Ile Ser Asp Glu Asp Trp Tyr Leu Ph Cys Gly Asp Thr Val Glu Ile
 50 55 60
 Leu Glu Gly Lys Asp Ala Gly Lys Gln Gly Lys Val Val Gln Val Ile
 65 70 75 80
 5 Arg Gln Arg Asn Trp Val Val Val Gly Gly Leu Asn Thr His Tyr Arg
 85 90 95
 Tyr Ile Gly Lys Thr Met Asp Tyr Arg Gly Thr Met Ile Pro Ser Glu
 100 105 110
 Ala Pro Leu Leu His Arg Gln Val Lys Leu Val Asp Pro Met Asp Arg
 10 115 120 125
 Lys Pro Thr Glu Ile Glu Trp Arg Phe Thr Glu Ala Gly Glu Arg Val
 130 135 140
 Arg Val Ser Thr Arg Ser Gly Arg Ile Ile Pro Lys Pro Glu Phe Pro
 145 150 155 160
 15 Arg Ala Asp Gly Ile Val Pro Glu Thr Trp Ile Asp Gly Pro Lys Asp
 165 170 175
 Thr Ser Val Glu Asp Ala Leu Glu Arg Thr Tyr Val Pro Cys Leu Lys
 180 185 190
 Thr Leu Gln Glu Glu Val Met Glu Ala Met Gly Ile Lys Glu Thr Arg
 20 195 200 205
 Lys Tyr Lys Lys Val Tyr Trp Tyr
 210 215

25 <210> 147

<211> 2465

<212> DNA

<213> Homo sapiens

322/360

<220>

<221> CDS

<222> (71).. (1261)

5

<400> 147

aaactcgtca tttcctccag ctagaggagc tcaactgac tgttttcttt cgcccagcca 60

aaatcacaga atg aag gcg gtg aag agc gaa cgg gag cga ggg agc cgg 109

10

Met Lys Ala Val Lys Ser Glu Arg Glu Arg Gly Ser Arg

1

5

10

cga aga cac cgg gac ggg gac gtg gtg ctg ccg gcg ggg gtg gtg gtg 157

Arg Arg His Arg Asp Gly Asp Val Val Leu Pro Ala Gly Val Val Val

15

15

20

25

aag cag gag cgt ctc agc cca gaa gtc gca cct ccc gcc cac cgc cgt 205

Lys Gln Glu Arg Leu Ser Pro Glu Val Ala Pro Pro Ala His Arg Arg

30

35

40

45

20

ccg gac cac tcc ggt ggt agc ccg tct ccg ccg acc agc gag ccg gcc 253

Pro Asp His Ser Gly Gly Ser Pro Ser Pro Pro Thr Ser Glu Pro Ala

50

55

60

25

cgc tcg ggc cac cgc ggg aac cga gcc cga gga gtt agc cgg tcc cca 301

Arg Ser Gly His Arg Gly Asn Arg Ala Arg Gly Val Ser Arg Ser Pro

65

70

75

323/360

ccc aaa aag aaa aac aag gcc tca ggg aga aga agc aag tct cct cgc 349

Pro Lys Lys Lys Asn Lys Ala Ser Gly Arg Arg Ser Lys Ser Pro Arg

80

85

90

5 agt aag aga aac cga agt cct cac cac tca aca gtc aaa gtg aag cag 397

Ser Lys Arg Asn Arg Ser Pro His His Ser Thr Val Lys Val Lys Gln

95

100

105

gag cgt gag gat cat ccc cgg aga gga cgg gag gat cgg cag cac agg 445

10 Glu Arg Glu Asp His Pro Arg Arg Gly Arg Glu Asp Arg Gln His Arg

110

115

120

125

gaa cca tca gaa cag gaa cac agg aga gct agg aac agt gac cgg gac 493

Glu Pro Ser Glu Gln Glu His Arg Arg Ala Arg Asn Ser Asp Arg Asp

15

130

135

140

aga cac cgg ggc cat tcc cac caa agg aga acg tct aac gag agg cct 541

Arg His Arg Gly His Ser His Gln Arg Arg Thr Ser Asn Glu Arg Pro

145

150

155

20

ggg agt ggg cag ggt cag gga cgg gat cga gac act cag aac ctg cag 589

Gly Ser Gly Gln Gly Gln Gly Arg Asp Arg Asp Thr Gln Asn Leu Gln

160

165

170

25 gct cag gaa gaa gag cgg gag ttt tat aat gcc agg cga cgg gag cat 637

Ala Gln Glu Glu Glu Arg Glu Phe Tyr Asn Ala Arg Arg Arg Glu His

175

180

185

324/360

cgc cag agg aat gac gtt ggt ggt ggc ggc agt gag tct cag gag ttg 685
Arg Gln Arg Asn Asp Val Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ser Gln Glu Leu
190 195 200 205

5 gtt cct cgg cct ggt ggc aac aac aaa gaa aaa gag gtg ccc gct aaa 733
Val Pro Arg Pro Gly Gly Asn Asn Lys Glu Lys Glu Val Pro Ala Lys
210 215 220

gaa aaa cca agc ttt gaa ctt tct ggg gca ctt ctt gag gac acc aac 781
10 Glu Lys Pro Ser Phe Glu Leu Ser Gly Ala Leu Leu Glu Asp Thr Asn
225 230 235

act ttc cgg ggt gta gtc att aaa tat agt gag ccc cca gaa gca cgt 829
Thr Phe Arg Gly Val Val Ile Lys Tyr Ser Glu Pro Pro Glu Ala Arg
15 240 245 250

atc ccc aaa aaa cgg tgg cgt ctc tac cca ttt aaa aat gat gag gtg 877
Ile Pro Lys Lys Arg Trp Arg Leu Tyr Pro Phe Lys Asn Asp Glu Val
255 260 265

20 ctt cca gtc atg tac ata cat cga cag agt gcg tac cta ctg ggt cga 925
Leu Pro Val Met Tyr Ile His Arg Gln Ser Ala Tyr Leu Leu Gly Arg
270 275 280 285

25 cac cgc cgc att gca gac att cca att gat cac ccg tct tgt tca aag 973
His Arg Arg Ile Ala Asp Ile Pro Ile Asp His Pro Ser Cys Ser Lys
290 295 300

325/360

cag cat gcg gtc ttt caa tat cgg ctt gtg gaa tat acc cgt gct gat 1021

Gln His Ala Val Phe Gln Tyr Arg Leu Val Glu Tyr Thr Arg Ala Asp

305

310

315

5 ggc aca gtt ggc cga aga gtg aag ccc tac atc att gac ctt ggc tca 1069

Gly Thr Val Gly Arg Arg Val Lys Pro Tyr Ile Ile Asp Leu Gly Ser

320

325

330

ggc aat gga acc ttc tta aac aac aaa cgt att gag cca cag aga tac 1117

10 Gly Asn Gly Thr Phe Leu Asn Asn Lys Arg Ile Glu Pro Gln Arg Tyr

335

340

345

tat gaa cta aaa gaa aag gat gta ctc aaa ttt gga ttc agt agc aga 1165

Tyr Glu Leu Lys Glu Lys Asp Val Leu Lys Phe Gly Phe Ser Ser Arg

15 350

355

360

365

gaa tac gtc ttg ctc cat gag tcg tcg gac act tct gaa ata gac agg 1213

Glu Tyr Val Leu Leu His Glu Ser Ser Asp Thr Ser Glu Ile Asp Arg

370

375

380

20

aaa gat gac gag gat gag gag gag gag gaa gaa gtg tct gac agc tag 1261

Lys Asp Asp Glu Asp Glu Glu Glu Glu Glu Glu Val Ser Asp Ser

385

390

395

25 caaactaaga acccaacta ttgatacag gtttccttct tggaagtctt tgattgactc 1321

agagagcact atggtggtgg gtccagcact atggtgctct ctgtaatgcc tcttactgcc 1381

326/360

ttaagtcttt cctctgttgc tgaccagatt gtgttaccat ttgaatacac tgactaatgt 1441

ttgttaaact ttttctgtgg caccttggcc acatgcctgc aggcatattgt tttcagaaca 1501

5 gtctcaccaa ttacaacaca ccgtgtttta gtagaagtgt tgttggtttta gttggtgctt 1561

tcagaactgc tgcctaggaa actataaacc cttggttaag gggaaatcat ggcttgttct 1621

ctttgtacag ttactttatt tatataggtg ttaagctttg tggaccaggt gtttttcttt 1681

10

tggggcgaac ccctgagcag agaattctac taggctttgg ttatcaccaa aacaacctcc 1741

agtatatacc aaagctttga cttgtttgag ctcttgagct tagaagtga ttttgactt 1801

15 atttttttgg ggggtgggaa tgtactgcag tcagtaaaca ttattgactg ttttaactta 1861

acagatgctt tatggcacct gctcaagccc gtgactgtac agaaggatcc tggttgctac 1921

cagtgggtgc tgattcagca tcacaagtga ctgaaattgg ctgtggatct gttctttgtg 1981

20

aaagaattcc tgatttctcc atggagcatg tacacaacaa ttttgatcat attaactgta 2041

cttcagtttt gcatttttat tcaaagtta tctctttttt tctttgagaa ataaactgtc 2101

25 actgatgtga cagcgttctt tctttattct aataacatgt atagatctaa agcaggttgt 2161

gttgtttaca tgtttctaca catttcatcc tttaaaaagt tgttgagaga ggttgtattt 2221

327/360

accttcccaa ggttggaag caggggaatt tcccagtgtc ctagttttcc accagaggaa 2281

tatgtgtaag tagcaaagta ttgctgctt acatatagtg tgtatgtatg tatatatgta 2341

5 aattgtgtgt taaagagctg atactgattt tcatatgaca atgttaggca aaggcctccc 2401

tgcatttgaa gagcaggttt tcatttatat gtatttttgg gataaaaaaa taaatttgta 2461

atat

2465

10

<210> 148

<211> 396

<212> PRT

15 <213> Homo sapiens

<400> 148

Met Lys Ala Val Lys Ser Glu Arg Glu Arg Gly Ser Arg Arg Arg His

1

5

10

15

20 Arg Asp Gly Asp Val Val Leu Pro Ala Gly Val Val Val Lys Gln Glu

20

25

30

Arg Leu Ser Pro Glu Val Ala Pro Pro Ala His Arg Arg Pro Asp His

35

40

45

Ser Gly Gly Ser Pro Ser Pro Pro Thr Ser Glu Pro Ala Arg Ser Gly

25

50

55

60

His Arg Gly Asn Arg Ala Arg Gly Val Ser Arg Ser Pro Pro Lys Lys

65

70

75

80

Lys Asn Lys Ala Ser Gly Arg Arg Ser Lys Ser Pro Arg Ser Lys Arg

328/360

	85	90	95
	Asn Arg Ser Pro His His Ser Thr Val Lys Val Lys Gln Glu Arg Glu		
	100	105	110
	Asp His Pro Arg Arg Gly Arg Glu Asp Arg Gln His Arg Glu Pro Ser		
5	115	120	125
	Glu Gln Glu His Arg Arg Ala Arg Asn Ser Asp Arg Asp Arg His Arg		
	130	135	140
	Gly His Ser His Gln Arg Arg Thr Ser Asn Glu Arg Pro Gly Ser Gly		
	145	150	155
10	Gln Gly Gln Gly Arg Asp Arg Asp Thr Gln Asn Leu Gln Ala Gln Glu		
	165	170	175
	Glu Glu Arg Glu Phe Tyr Asn Ala Arg Arg Arg Glu His Arg Gln Arg		
	180	185	190
	Asn Asp Val Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ser Gln Glu Leu Val Pro Arg		
15	195	200	205
	Pro Gly Gly Asn Asn Lys Glu Lys Glu Val Pro Ala Lys Glu Lys Pro		
	210	215	220
	Ser Phe Glu Leu Ser Gly Ala Leu Leu Glu Asp Thr Asn Thr Phe Arg		
	225	230	235
20	Gly Val Val Ile Lys Tyr Ser Glu Pro Pro Glu Ala Arg Ile Pro Lys		
	245	250	255
	Lys Arg Trp Arg Leu Tyr Pro Phe Lys Asn Asp Glu Val Leu Pro Val		
	260	265	270
	Met Tyr Ile His Arg Gln Ser Ala Tyr Leu Leu Gly Arg His Arg Arg		
25	275	280	285
	Ile Ala Asp Ile Pro Ile Asp His Pro Ser Cys Ser Lys Gln His Ala		
	290	295	300
	Val Phe Gln Tyr Arg Leu Val Glu Tyr Thr Arg Ala Asp Gly Thr Val		

329/360

305 310 315 320
Gly Arg Arg Val Lys Pro Tyr Ile Ile Asp Leu Gly Ser Gly Asn Gly
 325 330 335
Thr Phe Leu Asn Asn Lys Arg Ile Glu Pro Gln Arg Tyr Tyr Glu Leu
5 340 345 350
Lys Glu Lys Asp Val Leu Lys Phe Gly Phe Ser Ser Arg Glu Tyr Val
 355 360 365
Leu Leu His Glu Ser Ser Asp Thr Ser Glu Ile Asp Arg Lys Asp Asp
 370 375 380
10 Glu Asp Glu Glu Glu Glu Glu Glu Val Ser Asp Ser
385 390 395

<210> 149

15 <211> 3600

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

20 <221> CDS

<222> (149).. (1504)

<400> 149

aatccagcgc agccgggaga cagatgcgag gcggcggtca gcaggtgccg aacccacggc 60
25 caggcttccg tggccagcag ccctagagga atggccatcc tgtccctgcg agcccctggg 120
ccctggcagg cgatgcaggt gggatgct atg gaa tat gat gag aag ctg gcc 172

330/360

Met Glu Tyr Asp Glu Lys Leu Ala

1

5

cgt ttc cgg cag gcc cac ctc aac ccc ttc aac aag cag tct ggg ccg 220

5 Arg Phe Arg Gln Ala His Leu Asn Pro Phe Asn Lys Gln Ser Gly Pro

10

15

20

aga cag cat gag cag ggc cct ggg gag gag gtc ccg gac gtc act cct 268

Arg Gln His Glu Gln Gly Pro Gly Glu Glu Val Pro Asp Val Thr Pro

10

25

30

35

40

gaa gag gcc ctg cct gag ctg ccc cct ggg gag ccg gaa ttc cgc tgc 316

Glu Glu Ala Leu Pro Glu Leu Pro Pro Gly Glu Pro Glu Phe Arg Cys

45

50

55

15

cct gaa cgc gtg atg gat ctc ggc ctg tct gag gac cac ttc tcc cgc 364

Pro Glu Arg Val Met Asp Leu Gly Leu Ser Glu Asp His Phe Ser Arg

60

65

70

20 cct gtg ggt ctg ttc ctg gcc tct gac gtc cag cag ctg cgg cag gcg 412

Pro Val Gly Leu Phe Leu Ala Ser Asp Val Gln Gln Leu Arg Gln Ala

75

80

85

atc gag gag tgc aag cag gtg att ctg gag ctg ccc gag cag tcg gag 460

25 Ile Glu Glu Cys Lys Gln Val Ile Leu Glu Leu Pro Glu Gln Ser Glu

90

95

100

aag cag aag gat gcc gtg gtg cga ctc atc cac ctc cgg ctg aag ctc 508

Lys Gln Lys Asp Ala Val Val Arg Leu Ile His Leu Arg Leu Lys Leu

105 110 115 120

cag gag ctg aag gac ccc aat gag gat gag cca aac atc cga gtg ctc 556

5 Gln Glu Leu Lys Asp Pro Asn Glu Asp Glu Pro Asn Ile Arg Val Leu

125 130 135

ctt gag cac cgc ttt tac aag gag aag agc aag agc gtc aag cag acc 604

Leu Glu His Arg Phe Tyr Lys Glu Lys Ser Lys Ser Val Lys Gln Thr

10 140 145 150

tgt gac aag tgt aac acc atc atc tgg ggg ctc att cag acc tgg tac 652

Cys Asp Lys Cys Asn Thr Ile Ile Trp Gly Leu Ile Gln Thr Trp Tyr

155 160 165

15

acc tgc aca ggg tgt tat tac cgc tgt cac agt aag tgc ttg aac ctc 700

Thr Cys Thr Gly Cys Tyr Tyr Arg Cys His Ser Lys Cys Leu Asn Leu

170 175 180

20 atc tcc aag ccc tgt gtg agc tcc aaa gtc agc cac caa gct gaa tac 748

Ile Ser Lys Pro Cys Val Ser Ser Lys Val Ser His Gln Ala Glu Tyr

185 190 195 200

gaa ctg aac atc tgc cct gag aca ggg ctg gac agc cag gat tac cgc 796

25 Glu Leu Asn Ile Cys Pro Glu Thr Gly Leu Asp Ser Gln Asp Tyr Arg

205 210 215

tgt gcc gag tgc cgg gcg ccc atc tct ctg cgg ggt gtg ccc agt gag 844

332/360

Cys Ala Glu Cys Arg Ala Pro Ile Ser Leu Arg Gly Val Pro Ser Glu

220

225

230

gcc agg cag tgc gac tac acc ggc cag tac tac tgc agc cac tgc cac 892

5 Ala Arg Gln Cys Asp Tyr Thr Gly Gln Tyr Tyr Cys Ser His Cys His

235

240

245

tgg aac gac ctg gct gtg atc cct gca cgc gtt gta cac aac tgg gac 940

Trp Asn Asp Leu Ala Val Ile Pro Ala Arg Val Val His Asn Trp Asp

10 250

255

260

ttt gag cct cga aag gtt tct cgc tgc agc atg cgc tac ctg gcg ctg 988

Phe Glu Pro Arg Lys Val Ser Arg Cys Ser Met Arg Tyr Leu Ala Leu

265

270

275

280

15

atg gtg tct cgg ccc gta ctc agg ctc cgg gag atc aac cct ctg ctg 1036

Met Val Ser Arg Pro Val Leu Arg Leu Arg Glu Ile Asn Pro Leu Leu

285

290

295

20 ttc agc tac gtg gag gag ctg gtg gag att cgc aag ctg cgc cag gac 1084

Phe Ser Tyr Val Glu Glu Leu Val Glu Ile Arg Lys Leu Arg Gln Asp

300

305

310

atc ctg ctc atg aag ccg tac ttc atc acc tgc agg gag gcc atg gag 1132

25 Ile Leu Leu Met Lys Pro Tyr Phe Ile Thr Cys Arg Glu Ala Met Glu

315

320

325

gct cgt ctg ctg ctg cag ctc cag gat cgg cag cat ttt gtg gag aac 1180

333/360

Ala Arg Leu Leu Leu Gln Leu Gln Asp Arg Gln His Phe Val Glu Asn

330

335

340

gac gag atg tac tct gtc cag gac ctc ctg gac gtg cat gcc ggc cgc 1228

5 Asp Glu Met Tyr Ser Val Gln Asp Leu Leu Asp Val His Ala Gly Arg

345

350

355

360

ctg ggc tgc tcg ctc acc gag atc cac acg ctc ttc gcc aag cac atc 1276

Leu Gly Cys Ser Leu Thr Glu Ile His Thr Leu Phe Ala Lys His Ile

10

365

370

375

aag ctg gac tgc gag cgg tgc cag gcc aag ggc ttc gtg tgt gag ctc 1324

Lys Leu Asp Cys Glu Arg Cys Gln Ala Lys Gly Phe Val Cys Glu Leu

380

385

390

15

tgc aga gag ggc gac gtg ctg ttc ccg ttc gac agc cac acg tct gtg 1372

Cys Arg Glu Gly Asp Val Leu Phe Pro Phe Asp Ser His Thr Ser Val

395

400

405

20

tgc gcc gac tgc tcc gcg gtc ttc cac agg gac tgc tac tac gac aac 1420

Cys Ala Asp Cys Ser Ala Val Phe His Arg Asp Cys Tyr Tyr Asp Asn

410

415

420

tcc acc act tgt ccc aag tgt gcc cgg ctc agc ctg agg aag cag tcg 1468

25 Ser Thr Thr Cys Pro Lys Cys Ala Arg Leu Ser Leu Arg Lys Gln Ser

425

430

435

440

ctc ttc cag gag cca ggt ccc gat gtg gag gcc tag cgccgaggaa 1514

Leu Phe Gln Glu Pro Gly Pro Asp Val Glu Ala

445

450

5 cagtgtctggg cccccgcct ggcccgccag gaccaccct gccaacatca agttgttcct 1574

tctgtctcgg agaccctgg ggtgoggccc tggccccctc caccctgtct gggccagagc 1634

gggtgggcag tgtcaaggcc cgctgtctcc caggtgcttg ctgggactcg gggcggctgc 1694

10 acctggctgt cacctgggtg tgctgtgtg aggggtcctt gcgtggcccc catccttccc 1754

ccaatgcaga actccatggg caggagctg gggggacatc tcacctccc catggcacag 1814

agccctccac acccctggac caggcatcc gggccctaga aattccacag ctcccgtcct 1874

15 ggccaccctg gaagctcatc aggccaagac ccggacagag ctccagagga gtgttgagtg 1934

acacctgagg atgcggctgc acacactcag ccaagggccg agtctcacct gcggtggggt 1994

20 ttctggctctg cctgggggct ccatcccttt cagccactcg tggccttggg gatttctggt 2054

tgtcccagc tgggactgtt cacagtgtc acctgcagac ctgcctctcc ctggcctgag 2114

gttcaaaggc ctcatcgat ggtoagtaca gtggggtcac ctgttgtttc tatacaacag 2174

25 cagggaaggg gccatggagc ttttcctgc tgggtgtctc tgctttggcc cagcccacct 2234

ttcctgggtgc tccaagctag gaggtgtgg cccagcctg aggagggtgt cctggcctcc 2294

aggtgtgcag caggggctgt gtgctggggg aggttccagt taggcgatgg gacccctgcag 2354

tggtctgggtg gcatttcttg gaaccagatt tacctgagga gctctgtcct gctccctgtg 2414

5

gagggctcca gatagctcag aaatgaccag ccaatggcct ttgtttggg ggcctgaggt 2474

caagagagct gagagtattc gctcgactga gcacattcag gaagatcagg gcaggcgtgt 2534

10 gggaggtccc tactccacg ggacagaggg ccctggacag cagaggaaac ctacagctct 2594

gggtgagggg acacttggct ttggtgtttg cactttacag atcctgcggg ccacgagggg 2654

cctcaggaga ggacgtgtca ggacgtggct tcccagcctt ctgccttggg cagtgggggt 2714

15

gctcctgtct gtccttttcc cccacaccct ggactgtgct tggctgttgg tgcacatggt 2774

tggcacacgg tgggcagagg gcagagaatg ccactgcttg gttattggtc ccctttgacc 2834

20 aggaaaccca agaggagaca ctcagtcag cagaaaggcc acctggctca ctggctcatt 2894

ccaggagtgg gagagacggc agggctctct ctttgtcctc cggcatcagg aaggggatgg 2954

tgtccactcc ccactgtggt ggcttttaggc aaggttctta ttgtctgctc tgcctcggtt 3014

25

tccccatctg gaaaatgggg gcaggggtcc tgacctacct caggtggaac ggtgagcagg 3074

gaacatgtcg gagtcttca gagaatgtga tgtgaggttg gatcaacagt gtgggttctt 3134

336/360

gtcctgtttc cccttcctct ttggggctga ggaggagggtt aaaggccaaa tgctgtttcc 3194

caacacccca aagtctgcac acgtctcatg aatgcatcac atttctgtca tatggatatt 3254

5

agccattccg aaatctgtgt aatcaacttc acattattca agttacaaat cactgtgtcc 3314

atagaaaaac tgtgctggta ttgctggac aaagggttgg gcccctttta tttttacctg 3374

10 ccaccagca tctccccac ctgccccttc tgggtgacac agccggtaaa cggaatcacg 3434

tatggttctt tctgtgggtc tgtggcacag caggaagagc ccggtgccgc cagcaccttg 3494

tggaagacca cacatgggtg gtcccacagc atgggaccag gctggcctga gggatgcccc 3554

15

gttgaacaa tgctgtgtc actgtctcat taaatataca tccttt 3600

<210> 150

20 <211> 451

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 150

25 Met Glu Tyr Asp Glu Lys Leu Ala Arg Phe Arg Gln Ala His Leu Asn

1

5

10

15

Pro Phe Asn Lys Gln Ser Gly Pro Arg Gln His Glu Gln Gly Pro Gly

20

25

30

Glu Glu Val Pr Asp Val Thr Pro Glu Glu Ala Leu Pro Glu Leu Pro
 35 40 45
 Pro Gly Glu Pro Glu Phe Arg Cys Pro Glu Arg Val Met Asp Leu Gly
 50 55 60
 5 Leu Ser Glu Asp His Phe Ser Arg Pro Val Gly Leu Phe Leu Ala Ser
 65 70 75 80
 Asp Val Gln Gln Leu Arg Gln Ala Ile Glu Glu Cys Lys Gln Val Ile
 85 90 95
 Leu Glu Leu Pro Glu Gln Ser Glu Lys Gln Lys Asp Ala Val Val Arg
 10 100 105 110
 Leu Ile His Leu Arg Leu Lys Leu Gln Glu Leu Lys Asp Pro Asn Glu
 115 120 125
 Asp Glu Pro Asn Ile Arg Val Leu Leu Glu His Arg Phe Tyr Lys Glu
 130 135 140
 15 Lys Ser Lys Ser Val Lys Gln Thr Cys Asp Lys Cys Asn Thr Ile Ile
 145 150 155 160
 Trp Gly Leu Ile Gln Thr Trp Tyr Thr Cys Thr Gly Cys Tyr Tyr Arg
 165 170 175
 Cys His Ser Lys Cys Leu Asn Leu Ile Ser Lys Pro Cys Val Ser Ser
 20 180 185 190
 Lys Val Ser His Gln Ala Glu Tyr Glu Leu Asn Ile Cys Pro Glu Thr
 195 200 205
 Gly Leu Asp Ser Gln Asp Tyr Arg Cys Ala Glu Cys Arg Ala Pro Ile
 210 215 220
 25 Ser Leu Arg Gly Val Pro Ser Glu Ala Arg Gln Cys Asp Tyr Thr Gly
 225 230 235 240
 Gln Tyr Tyr Cys Ser His Cys His Trp Asn Asp Leu Ala Val Ile Pro
 245 250 255

338/360

Ala Arg Val Val His Asn Trp Asp Ph Glu Pro Arg Lys Val S r Arg
 260 265 270
 Cys Ser Met Arg Tyr Leu Ala Leu Met Val Ser Arg Pro Val Leu Arg
 275 280 285
 5 Leu Arg Glu Ile Asn Pro Leu Leu Phe Ser Tyr Val Glu Glu Leu Val
 290 295 300
 Glu Ile Arg Lys Leu Arg Gln Asp Ile Leu Leu Met Lys Pro Tyr Phe
 305 310 315 320
 Ile Thr Cys Arg Glu Ala Met Glu Ala Arg Leu Leu Leu Gln Leu Gln
 10 325 330 335
 Asp Arg Gln His Phe Val Glu Asn Asp Glu Met Tyr Ser Val Gln Asp
 340 345 350
 Leu Leu Asp Val His Ala Gly Arg Leu Gly Cys Ser Leu Thr Glu Ile
 355 360 365
 15 His Thr Leu Phe Ala Lys His Ile Lys Leu Asp Cys Glu Arg Cys Gln
 370 375 380
 Ala Lys Gly Phe Val Cys Glu Leu Cys Arg Glu Gly Asp Val Leu Phe
 385 390 395 400
 Pro Phe Asp Ser His Thr Ser Val Cys Ala Asp Cys Ser Ala Val Phe
 20 405 410 415
 His Arg Asp Cys Tyr Tyr Asp Asn Ser Thr Thr Cys Pro Lys Cys Ala
 420 425 430
 Arg Leu Ser Leu Arg Lys Gln Ser Leu Phe Gln Glu Pro Gly Pro Asp
 435 440 445
 25 Val Glu Ala
 450

<210> 151

<211> 442

<212> DNA

<213> Homo sapiens

5

<220>

<221> CDS

<222> (12).. (353)

10 <400> 151

gtttctacagc t atg gcc ggg cca gct gca gct ttc cgc cgc ttg ggc gcc 50

Met Ala Gly Pro Ala Ala Ala Phe Arg Arg Leu Gly Ala

1

5

10

15 ttg tcc gga gct gcg gcc tta ggc ttc gct tcc tac ggg gcg cac ggc 98

Leu Ser Gly Ala Ala Ala Leu Gly Phe Ala Ser Tyr Gly Ala His Gly

15

20

25

gcc caa ttc cca gat gcc tac ggg aag gag ctg ttt gac aag gcc aac 146

20 Ala Gln Phe Pro Asp Ala Tyr Gly Lys Glu Leu Phe Asp Lys Ala Asn

30

35

40

45

aaa cac cac ttc tta cac agc ctg gcc ctg tta ggg gtg ccc cat tgc 194

Lys His His Phe Leu His Ser Leu Ala Leu Leu Gly Val Pro His Cys

25

50

55

60

aga aag cca ctc tgg gct ggg tta ttg cta gct tcc gga acg acc tta 242

Arg Lys Pro Leu Trp Ala Gly Leu Leu Leu Ala Ser Gly Thr Thr Leu

340/360

	65	70	75	
	ttc tgc acc agc ttt tac tac cag gct ctg agt gga gac ccc agc atc			290
	Phe Cys Thr Ser Phe Tyr Tyr Gln Ala Leu Ser Gly Asp Pro Ser Ile			
5	80	85	90	
	cag act ttg gcc cct gcg gga ggg acc ctg cta ctc ttg ggc tgg ctt			338
	Gln Thr Leu Ala Pro Ala Gly Gly Thr Leu Leu Leu Leu Gly Trp Leu			
	95	100	105	
10				
	gcc ttg gct ctt tga gctccctttt gcttaattac tgggttttct gggcagtttt			393
	Ala Leu Ala Leu			
	110			
15	tttttttaaa gagttggagt aagaagagga ttaaaaagga aaggcaa			442
	<210> 152			
	<211> 113			
20	<212> PRT			
	<213> Homo sapiens			
	<400> 152			
	Met Ala Gly Pro Ala Ala Ala Phe Arg Arg Leu Gly Ala Leu Ser Gly			
25	1	5	10	15
	Ala Ala Ala Leu Gly Phe Ala Ser Tyr Gly Ala His Gly Ala Gln Phe			
	20	25	30	
	Pro Asp Ala Tyr Gly Lys Glu L u Ph Asp Lys Ala Asn Lys His His			

341/360

35 40 45
 Phe Leu His Ser Leu Ala Leu Leu Gly Val Pro His Cys Arg Lys Pro
 50 55 60
 Leu Trp Ala Gly Leu Leu Leu Ala Ser Gly Thr Thr Leu Phe Cys Thr
 5 65 70 75 80
 Ser Phe Tyr Tyr Gln Ala Leu Ser Gly Asp Pro Ser Ile Gln Thr Leu
 85 90 95
 Ala Pro Ala Gly Gly Thr Leu Leu Leu Leu Gly Trp Leu Ala Leu Ala
 100 105 110

10 Leu

<210> 153

<211> 726

15 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

20 <222> (12).. (680)

<400> 153

gcacagccaa g atg gcg gcg tcc gtg cga cag gca cgc agc cta cta ggt 50

Met Ala Ala Ser Val Arg Gln Ala Arg Ser Leu Leu Gly

25

1

5

10

gtg gcg gcg acc ctg gcc ccg ggt tcc cgt ggc tac cgg gcg cgg ccg 98

Val Ala Ala Thr Leu Ala Pro Gly Ser Arg Gly Tyr Arg Ala Arg Pro

342/360

	15	20	25	
	ccc ccg cgc cgc agg ccg gga ccc cgg tgg cca gac ccc gag gac ctc			146
	Pro Pro Arg Arg Arg Pro Gly Pro Arg Trp Pro Asp Pro Glu Asp Leu			
5	30	35	40	45
	ctg acc ccg cgg tgg cag ctg gga ccg cgc tac gcg gct aag cag ttc			194
	Leu Thr Pro Arg Trp Gln Leu Gly Pro Arg Tyr Ala Ala Lys Gln Phe			
	50	55	60	
10				
	gcg cgt tac ggc gcc gcc tcc ggg gtg gtc ccc ggt tcg tta tgg ccg			242
	Ala Arg Tyr Gly Ala Ala Ser Gly Val Val Pro Gly Ser Leu Trp Pro			
	65	70	75	
15				
	tcg ccg gag cag ctg cgg gag ctg gag gcc gaa gaa cgc gaa tgg tac			290
	Ser Pro Glu Gln Leu Arg Glu Leu Glu Ala Glu Glu Arg Glu Trp Tyr			
	80	85	90	
	ccg agc ctg gcg acc atg cag gag tcg ctg cgg gtg aag cag ctg gcc			338
20	Pro Ser Leu Ala Thr Met Gln Glu Ser Leu Arg Val Lys Gln Leu Ala			
	95	100	105	
	gaa gag cag aag cgt cgg gag agg gag cag cac atc gca gag tgc atg			386
	Glu Glu Gln Lys Arg Arg Glu Arg Glu Gln His Ile Ala Glu Cys Met			
25	110	115	120	125
	goc aag atg cca cag atg att gtg aac tgg cag cag cag cag cgg gag			434
	Ala Lys Met Pro Gln Met Ile Val Asn Trp Gln Gln Gln Gln Arg Glu			

343/360

130 135 140

aac tgg gag aag gcc cag gct gac aag gag agg agg gcc cga ctg cag 482
Asn Trp Glu Lys Ala Gln Ala Asp Lys Glu Arg Arg Ala Arg Leu Gln

5 145 150 155

gct gag gcc cag gag ctc ctg ggc tac cag gtg gac cca agg agt gcc 530
Ala Glu Ala Gln Glu Leu Leu Gly Tyr Gln Val Asp Pro Arg Ser Ala

160 165 170

10

cgc ttc cag gag ctg ctc cag gac cta gag aag aag gag cgc aag cgc 578
Arg Phe Gln Glu Leu Leu Gln Asp Leu Glu Lys Lys Glu Arg Lys Arg

175 180 185

15

ctc aag gag gaa aaa cag aaa cgg aag aag gag gcg cga gct gct gca 626
Leu Lys Glu Glu Lys Gln Lys Arg Lys Lys Glu Ala Arg Ala Ala Ala

190 195 200 205

ttg gct gca gct gtg gct caa gac cca gca gcc tct ggg gca ccc agc 674

20

Leu Ala Ala Ala Val Ala Gln Asp Pro Ala Ala Ser Gly Ala Pro Ser

210 215 220

tcc tga ggctttgtcc cttccaata aagcctgcta cctggcagta cccctg 726
Ser

25

<210> 154

<211> 222

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 154

5 Met Ala Ala Ser Val Arg Gln Ala Arg Ser Leu Leu Gly Val Ala Ala
1 5 10 15
Thr Leu Ala Pro Gly Ser Arg Gly Tyr Arg Ala Arg Pro Pro Pro Arg
20 25 30
Arg Arg Pro Gly Pro Arg Trp Pro Asp Pro Glu Asp Leu Leu Thr Pro
10 35 40 45
Arg Trp Gln Leu Gly Pro Arg Tyr Ala Ala Lys Gln Phe Ala Arg Tyr
50 55 60
Gly Ala Ala Ser Gly Val Val Pro Gly Ser Leu Trp Pro Ser Pro Glu
65 70 75 80
15 Gln Leu Arg Glu Leu Glu Ala Glu Glu Arg Glu Trp Tyr Pro Ser Leu
85 90 95
Ala Thr Met Gln Glu Ser Leu Arg Val Lys Gln Leu Ala Glu Glu Gln
100 105 110
Lys Arg Arg Glu Arg Glu Gln His Ile Ala Glu Cys Met Ala Lys Met
20 115 120 125
Pro Gln Met Ile Val Asn Trp Gln Gln Gln Gln Arg Glu Asn Trp Glu
130 135 140
Lys Ala Gln Ala Asp Lys Glu Arg Arg Ala Arg Leu Gln Ala Glu Ala
145 150 155 160
25 Gln Glu Leu Leu Gly Tyr Gln Val Asp Pro Arg Ser Ala Arg Phe Gln
165 170 175
Glu Leu Leu Gln Asp Leu Glu Lys Lys Glu Arg Lys Arg Leu Lys Glu
180 185 190

345/360

Glu Lys Gln Lys Arg Lys Lys Glu Ala Arg Ala Ala Ala Leu Ala Ala

195

200

205

Ala Val Ala Gln Asp Pro Ala Ala Ser Gly Ala Pro Ser Ser

210

215

220

5

<210> 155

<211> 1120

<212> DNA

10 <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (208).. (1044)

15

<400> 155

ccttttcttc cgcacgggtg gaggaggctg gctggttata gggagttgga gggctgaggt 60

cgggaggggtg gtgtgtacag agctctagga ctcacgcacc aggccagtcg cgggttttgg 120

20

gccgaggcct gggttacaag cagcaagtgc gcggttgggg ccaactgcag gccgttttag 180

aaaactgttt aaaacaaaga gcaattg atg gat aaa tca gga ata gat tct ctt 234

Met Asp Lys Ser Gly Ile Asp Ser Leu

25

1

5

gac cat gtg aca tct gat gct gtg gaa ctt gca aat cga agt gat aac 282

Asp His Val Thr Ser Asp Ala Val Glu Leu Ala Asn Arg Ser Asp Asn

346/360

10	15	20	25	
tct tct gat agc agc tta ttt aaa act cag tgt atc cct tac tca cct	330			
Ser Ser Asp Ser Ser Leu Phe Lys Thr Gln Cys Ile Pro Tyr Ser Pro				
5	30	35	40	
aaa ggg gag aaa aga aac ccc att cga aaa ttt gtt cgt aca cct gaa	378			
Lys Gly Glu Lys Arg Asn Pro Ile Arg Lys Phe Val Arg Thr Pro Glu				
	45	50	55	
10				
agt gtt cac gca agt gat tca tca agt gac tca tct ttt gaa cca ata	426			
Ser Val His Ala Ser Asp Ser Ser Ser Asp Ser Ser Phe Glu Pro Ile				
	60	65	70	
15				
cca ttg act ata aaa gct att ttt gaa aga ttc aag aac agg aaa aag	474			
Pro Leu Thr Ile Lys Ala Ile Phe Glu Arg Phe Lys Asn Arg Lys Lys				
	75	80	85	
aga tat aaa aaa aag aaa aag agg agg tac cag cca aca gga aga cca	522			
20	Arg Tyr Lys Lys Lys Lys Lys Arg Arg Tyr Gln Pro Thr Gly Arg Pro			
	90	95	100	105
cgg gga aga cca gaa gga agg aga aat cct ata tac tca cta ata gat	570			
Arg Gly Arg Pro Glu Gly Arg Arg Asn Pro Ile Tyr Ser Leu Ile Asp				
25	110	115	120	
aag aag aaa caa ttt aga agc aga gga tct ggc ttc cca ttt tta gaa	618			
Lys Lys Lys Gln Phe Arg Ser Arg Gly Ser Gly Phe Pro Phe Leu Glu				

347/360

	125	130	135	
	tca gag aat gaa aaa aac gca cct tgg aga aaa att tta acg ttt gag	666		
	Ser Glu Asn Glu Lys Asn Ala Pro Trp Arg Lys Ile Leu Thr Phe Glu			
5	140	145	150	
	caa gct gtt gca aga gga ttt ttt aac tat att gaa aaa ctg aag tat	714		
	Gln Ala Val Ala Arg Gly Phe Phe Asn Tyr Ile Glu Lys Leu Lys Tyr			
	155	160	165	
10				
	gaa cac cac ctg aaa gaa tca ttg aag caa atg aat gtt ggt gaa gat	762		
	Glu His His Leu Lys Glu Ser Leu Lys Gln Met Asn Val Gly Glu Asp			
	170	175	180	185
15				
	tta gaa aat gaa gat ttt gac agt cgt aga tac aaa ttt ttg gat gat	810		
	Leu Glu Asn Glu Asp Phe Asp Ser Arg Arg Tyr Lys Phe Leu Asp Asp			
	190	195	200	
	gat gga tcc att tct cct att gag gag tca aca gca gag gat gag gat	858		
20	Asp Gly Ser Ile Ser Pro Ile Glu Glu Ser Thr Ala Glu Asp Glu Asp			
	205	210	215	
	gca aca cat ctt gaa gat aac gaa tgt gat atc aaa ttg gca ggg gat	906		
	Ala Thr His Leu Glu Asp Asn Glu Cys Asp Ile Lys Leu Ala Gly Asp			
25	220	225	230	
	agt ttc ata gta agt tct gaa ttc cct gta aga ctg agt gta tac tta	954		
	Ser Phe Ile Val Ser Ser Glu Phe Pro Val Arg Leu Ser Val Tyr Leu			

348/360

235

240

245

gaa gaa gag gat att act gaa gaa gct gct ttg tct aaa aag aga gct 1002

Glu Glu Glu Asp Ile Thr Glu Glu Ala Ala Leu Ser Lys Lys Arg Ala

5 250

255

260

265

aca aaa gcc aaa aat act gga cag aga ggc ctg aaa atg tga 1044

Thr Lys Ala Lys Asn Thr Gly Gln Arg Gly Leu Lys Met

270

275

10

caggatcatg aatgtcaaag gtgaagcata tagaaaaaac gacttcatag aaatgaataa 1104

agataaatgt ggatat

1120

15

<210> 156

<211> 278

<212> PRT

<213> Homo sapiens

20

<400> 156

Met Asp Lys Ser Gly Ile Asp Ser Leu Asp His Val Thr Ser Asp Ala

1

5

10

15

Val Glu Leu Ala Asn Arg Ser Asp Asn Ser Ser Asp Ser Ser Leu Phe

25

20

25

30

Lys Thr Gln Cys Ile Pro Tyr Ser Pro Lys Gly Glu Lys Arg Asn Pro

35

40

45

Ile Arg Lys Phe Val Arg Thr Pro Glu Ser Val His Ala Ser Asp Ser

349/360

	50	55	60	
	Ser Ser Asp Ser Ser Phe Glu Pro Ile Pro Leu Thr Ile Lys Ala Ile			
	65	70	75	80
	Phe Glu Arg Phe Lys Asn Arg Lys Lys Arg Tyr Lys Lys Lys Lys Lys			
5	85	90	95	
	Arg Arg Tyr Gln Pro Thr Gly Arg Pro Arg Gly Arg Pro Glu Gly Arg			
	100	105	110	
	Arg Asn Pro Ile Tyr Ser Leu Ile Asp Lys Lys Lys Gln Phe Arg Ser			
	115	120	125	
10	Arg Gly Ser Gly Phe Pro Phe Leu Glu Ser Glu Asn Glu Lys Asn Ala			
	130	135	140	
	Pro Trp Arg Lys Ile Leu Thr Phe Glu Gln Ala Val Ala Arg Gly Phe			
	145	150	155	160
	Phe Asn Tyr Ile Glu Lys Leu Lys Tyr Glu His His Leu Lys Glu Ser			
15	165	170	175	
	Leu Lys Gln Met Asn Val Gly Glu Asp Leu Glu Asn Glu Asp Phe Asp			
	180	185	190	
	Ser Arg Arg Tyr Lys Phe Leu Asp Asp Asp Gly Ser Ile Ser Pro Ile			
	195	200	205	
20	Glu Glu Ser Thr Ala Glu Asp Glu Asp Ala Thr His Leu Glu Asp Asn			
	210	215	220	
	Glu Cys Asp Ile Lys Leu Ala Gly Asp Ser Phe Ile Val Ser Ser Glu			
	225	230	235	240
	Phe Pro Val Arg Leu Ser Val Tyr Leu Glu Glu Glu Asp Ile Thr Glu			
25	245	250	255	
	Glu Ala Ala Leu Ser Lys Lys Arg Ala Thr Lys Ala Lys Asn Thr Gly			
	260	265	270	
	Gln Arg Gly Leu Lys M t			

275

<210> 157

5 <211> 747

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

10 <221> CDS

<222> (27).. (692)

<400> 157

ctctctcatg accccgctcc gggatt atg gcc ggg act ggg ctg ctg gcg ctg 53

15 Met Ala Gly Thr Gly Leu Leu Ala Leu

1 5

cgg acg ctg cca ggg ccc agc tgg gtg cga ggc tcg ggc cct tcc gtg 101

Arg Thr Leu Pro Gly Pro Ser Trp Val Arg Gly Ser Gly Pro Ser Val

20 10 15 20 25

ctg agc cgc ctg cag gac gcg gcc gtg gtg cgg cct ggc ttc ctg agc 149

Leu Ser Arg Leu Gln Asp Ala Ala Val Val Arg Pro Gly Phe Leu Ser

30 35 40

25

acg gca gag gag gag acg ctg agc cga gaa ctg gag ccc gag ctg cgc 197

Thr Ala Glu Glu Glu Thr Leu Ser Arg Glu Leu Glu Pro Glu Leu Arg

45 50 55

351/360

cgc cgc cgc tac gaa tac gat cac tgg gac gcg gcc atc cac ggc ttc 245

Arg Arg Arg Tyr Glu Tyr Asp His Trp Asp Ala Ala Ile His Gly Phe

60

65

70

5

cga gag aca gag aag tcg cgc tgg tca gaa gcc agc cgg gcc atc ctg 293

Arg Glu Thr Glu Lys Ser Arg Trp Ser Glu Ala Ser Arg Ala Ile Leu

75

80

85

10 cag cgc gtg cag gcg gcc gcc ttt ggc ccc ggc cag acc ctg ctc tcc 341

Gln Arg Val Gln Ala Ala Ala Phe Gly Pro Gly Gln Thr Leu Leu Ser

90

95

100

105

tcc gtg cac gtg ctg gac ctg gaa gcc cgc ggc tac atc aag ccc cac 389

15 Ser Val His Val Leu Asp Leu Glu Ala Arg Gly Tyr Ile Lys Pro His

110

115

120

gtg gac agc atc aag ttc tgc ggg gcc acc atc gcc ggc ctg tct ctc 437

Val Asp Ser Ile Lys Phe Cys Gly Ala Thr Ile Ala Gly Leu Ser Leu

20

125

130

135

ctg tct ccc agc gtt atg cgg ctg gtg cac acc cag gag ccg ggg gag 485

Leu Ser Pro Ser Val Met Arg Leu Val His Thr Gln Glu Pro Gly Glu

140

145

150

25

tgg ctg gaa ctc ttg ctg gag ccg ggc tcc ctc tac atc ctt agg ggc 533

Trp Leu Glu L u Leu Leu Glu Pro Gly Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Gly

155

160

165

tca gcc cgt tat gac ttc tcc cat gag atc ctt cgg gat gaa gag tcc 581

Ser Ala Arg Tyr Asp Phe Ser His Glu Ile Leu Arg Asp Glu Glu Ser

170 175 180 185

5

ttc ttt ggg gaa cgc cgg att ccc cgg ggc cgg cgc atc tcc gtg atc 629

Phe Phe Gly Glu Arg Arg Ile Pro Arg Gly Arg Arg Ile Ser Val Ile

190 195 200

10 tgc cgc tcc ctc cct gag ggc atg ggg cca ggg gag tct gga cag ccg 677

Cys Arg Ser Leu Pro Glu Gly Met Gly Pro Gly Glu Ser Gly Gln Pro

205 210 215

ccc cca gcc tgc tga cccccagctt tctacagaca ccagatttgt gaataaagtt 732

15 Pro Pro Ala Cys

220

ggggaatgga cagcc

747

20

<210> 158

<211> 221

<212> PRT

<213> Homo sapiens

25

<400> 158

M t Ala Gly Thr Gly Leu Leu Ala Leu Arg Thr Leu Pro Gly Pro Ser

1 5 10 15

Trp Val Arg Gly Ser Gly Pro Ser Val Leu Ser Arg Leu Gln Asp Ala
 20 25 30
 Ala Val Val Arg Pro Gly Phe Leu Ser Thr Ala Glu Glu Glu Thr Leu
 35 40 45
 5 Ser Arg Glu Leu Glu Pro Glu Leu Arg Arg Arg Arg Tyr Glu Tyr Asp
 50 55 60
 His Trp Asp Ala Ala Ile His Gly Phe Arg Glu Thr Glu Lys Ser Arg
 65 70 75 80
 Trp Ser Glu Ala Ser Arg Ala Ile Leu Gln Arg Val Gln Ala Ala Ala
 10 85 90 95
 Phe Gly Pro Gly Gln Thr Leu Leu Ser Ser Val His Val Leu Asp Leu
 100 105 110
 Glu Ala Arg Gly Tyr Ile Lys Pro His Val Asp Ser Ile Lys Phe Cys
 115 120 125
 15 Gly Ala Thr Ile Ala Gly Leu Ser Leu Leu Ser Pro Ser Val Met Arg
 130 135 140
 Leu Val His Thr Gln Glu Pro Gly Glu Trp Leu Glu Leu Leu Glu
 145 150 155 160
 Pro Gly Ser Leu Tyr Ile Leu Arg Gly Ser Ala Arg Tyr Asp Phe Ser
 20 165 170 175
 His Glu Ile Leu Arg Asp Glu Glu Ser Phe Phe Gly Glu Arg Arg Ile
 180 185 190
 Pro Arg Gly Arg Arg Ile Ser Val Ile Cys Arg Ser Leu Pro Glu Gly
 195 200 205
 25 Met Gly Pro Gly Glu Ser Gly Gln Pro Pro Pro Ala Cys
 210 215 220

354/360

<210> 159

<211> 1441

<212> DNA

<213> Homo sapiens

5

<220>

<221> CDS

<222> (95)..(1420)

10 <400> 159

atattccggt ggctggtctc cggcggcccc gtccccgact gggccccgtg cccccccgcc 60

cccgcggccc ccgcccgcg ggccagccgc cacc atg aag aaa ttc ttt cag gag 115

Met Lys Lys Phe Phe Gln Glu

15

1

5

ttc aag gcc gac atc aag ttc aaa agc gcg gga ccc ggt cag aag ctc 163

Phe Lys Ala Asp Ile Lys Phe Lys Ser Ala Gly Pro Gly Gln Lys Leu

10

15

20

20

aaa gag tcc gtg ggg gaa aag gcc cac aaa gag aag ccc aac cag cca 211

Lys Glu Ser Val Gly Glu Lys Ala His Lys Glu Lys Pro Asn Gln Pro

25

30

35

25 gcc ccc agg ccg ccc cgc cag gga ccc acc aat gag gca cag atg gca 259

Ala Pro Arg Pro Pro Arg Gln Gly Pro Thr Asn Glu Ala Gln Met Ala

40

45

50

55

355/360

gcc gct gcc gcc cta gcc cgg ctg gag cag aag cag tcc cgg gcc tgg 307
 Ala Ala Ala Ala Leu Ala Arg Leu Glu Gln Lys Gln Ser Arg Ala Trp
 60 65 70

5 ggc ccc aca tcg cag gac acc atc cga aac cag gtg aga aag gaa ctt 355
 Gly Pro Thr Ser Gln Asp Thr Ile Arg Asn Gln Val Arg Lys Glu Leu
 75 80 85

caa gcc gaa gcc acc gtc agc ggg agc ccc gag gcc cca ggg acc aac 403
 10 Gln Ala Glu Ala Thr Val Ser Gly Ser Pro Glu Ala Pro Gly Thr Asn
 90 95 100

gtg gta tct gag ccc aga gag gaa ggc tct gcc cac ctg gct gtg cct 451
 Val Val Ser Glu Pro Arg Glu Glu Gly Ser Ala His Leu Ala Val Pro
 15 105 110 115

ggc gtg tac ttc acc tgt ccg ctc act ggg gcc acc ctg agg aag gac 499
 Gly Val Tyr Phe Thr Cys Pro Leu Thr Gly Ala Thr Leu Arg Lys Asp
 120 125 130 135

20 cag cgg gac gcc tgc atc aag gag gcc att ctc ttg cac ttc tcc acc 547
 Gln Arg Asp Ala Cys Ile Lys Glu Ala Ile Leu Leu His Phe Ser Thr
 140 145 150

25 gac cca gtg gcc gcc tcc atc atg aag atc tac acg ttc aac aaa gac 595
 Asp Pro Val Ala Ala Ser Ile Met Lys Ile Tyr Thr Phe Asn Lys Asp
 155 160 165

356/360

cag gac cgg gtg aag ctg ggt gtg gac acc att gcc aag tac ctg gac 643
 Gln Asp Arg Val Lys Leu Gly Val Asp Thr Ile Ala Lys Tyr Leu Asp
 170 175 180

5 aac atc cac ctg cac ccc gag gag gag aag tac cgg aag atc aag ctg 691
 Asn Ile His Leu His Pro Glu Glu Glu Lys Tyr Arg Lys Ile Lys Leu
 185 190 195

cag aac aag gtg ttt cag gag cgc att aac tgc ctg gaa ggg acc cac 739
 10 Gln Asn Lys Val Phe Gln Glu Arg Ile Asn Cys Leu Glu Gly Thr His
 200 205 210 215

gag ttt ttt gag gcc att ggg ttc cag aag gtg ttg ctt ccc gcc cag 787
 Glu Phe Phe Glu Ala Ile Gly Phe Gln Lys Val Leu Leu Pro Ala Gln
 15 220 225 230

gat cag gag gac ccc gag gag ttc tac gtg ctg agc gag acc acc ttg 835
 Asp Gln Glu Asp Pro Glu Glu Phe Tyr Val Leu Ser Glu Thr Thr Leu
 235 240 245

20 gcc cag ccc cag agc ctg gag agg cac aag gaa cag ctg ctg gct gcg 883
 Ala Gln Pro Gln Ser Leu Glu Arg His Lys Glu Gln Leu Leu Ala Ala
 250 255 260

25 gag ccc gtg cgc gcc aag ctg gac agg cag cgc cgc gtc ttc cag ccc 931
 Glu Pro Val Arg Ala Lys Leu Asp Arg Gln Arg Arg Val Phe Gln Pro
 265 270 275

tcg ccc ctg gcc tcg cag ttc gaa ctg cct ggg gac ttc ttc aac ctc 979
Ser Pro Leu Ala Ser Gln Phe Glu Leu Pro Gly Asp Phe Phe Asn Leu
280 285 290 295

gag cgg ctg agc gtg ctg cgg acc aag gcc atg cgg gag aag gag gag 1075
Glu Arg Leu Ser Val Leu Arg Thr Lys Ala Met Arg Glu Lys Glu Glu
315 320 325

ccc gat ggc tgc ctc ctg cag ggc act ttc tac gct cgg gag cgg ctg 1171
Pro Asp Gly Cys Leu Leu Gln Gly Thr Phe Tyr Ala Arg Glu Arg Leu
345 350 355

ggg gcg gtg tac ggg ttc gtc cgg gag gcc ctg cag agc gac tgg ctg 1219
 Gly Ala Val Tyr Gly Phe Val Arg Glu Ala Leu Gln Ser Asp Trp Leu
 360 365 370 375

25 cct ttt gag ctg ctg gcc tcg gga ggg cag aag ctg tcc gag gac gag 1267
Pro Phe Glu Leu Leu Ala Ser Gly Gly Gln Lys Leu Ser Glu Asp Glu

 380 385 390

358/360

aac ctg gcc ttg aac gag tgc ggg ctg gtg ccc tct gcc ctc ctg acc 1315

Asn Leu Ala Leu Asn Glu Cys Gly Leu Val Pro Ser Ala Leu Leu Thr

395

400

405

5 ttc tcg tgg gac atg gct gtg ctg gag gac atc aag gcc gcg ggg gcc 1363

Phe Ser Trp Asp Met Ala Val Leu Glu Asp Ile Lys Ala Ala Gly Ala

410

415

420

gag ccg gac tcc atc ctg aaa ccc gag ctc ctg tca gcc atc gag aag 1411

10 Glu Pro Asp Ser Ile Leu Lys Pro Glu Leu Leu Ser Ala Ile Glu Lys

425

430

435

ctc ttg tga aataaaagca gggttggcct c

1441

Leu Leu

15 440

<210> 160

<211> 441

20 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 160

Met Lys Lys Phe Phe Gln Glu Phe Lys Ala Asp Ile Lys Phe Lys Ser

25

1

5

10

15

Ala Gly Pro Gly Gln Lys Leu Lys Glu Ser Val Gly Glu Lys Ala His

20

25

30

Lys Glu Lys Pro Asn Gln Pro Ala Pro Arg Pro Pro Arg Gln Gly Pro

359/360

	35	40	45	
	Thr Asn Glu Ala Gln Met Ala Ala Ala Ala Ala Leu Ala Arg Leu Glu			
	50	55	60	
	Gln Lys Gln Ser Arg Ala Trp Gly Pro Thr Ser Gln Asp Thr Ile Arg			
5	65	70	75	80
	Asn Gln Val Arg Lys Glu Leu Gln Ala Glu Ala Thr Val Ser Gly Ser			
	85	90	95	
	Pro Glu Ala Pro Gly Thr Asn Val Val Ser Glu Pro Arg Glu Glu Gly			
	100	105	110	
10	Ser Ala His Leu Ala Val Pro Gly Val Tyr Phe Thr Cys Pro Leu Thr			
	115	120	125	
	Gly Ala Thr Leu Arg Lys Asp Gln Arg Asp Ala Cys Ile Lys Glu Ala			
	130	135	140	
	Ile Leu Leu His Phe Ser Thr Asp Pro Val Ala Ala Ser Ile Met Lys			
15	145	150	155	160
	Ile Tyr Thr Phe Asn Lys Asp Gln Asp Arg Val Lys Leu Gly Val Asp			
	165	170	175	
	Thr Ile Ala Lys Tyr Leu Asp Asn Ile His Leu His Pro Glu Glu Glu			
	180	185	190	
20	Lys Tyr Arg Lys Ile Lys Leu Gln Asn Lys Val Phe Gln Glu Arg Ile			
	195	200	205	
	Asn Cys Leu Glu Gly Thr His Glu Phe Phe Glu Ala Ile Gly Phe Gln			
	210	215	220	
	Lys Val Leu Leu Pro Ala Gln Asp Gln Glu Asp Pro Glu Glu Phe Tyr			
25	225	230	235	240
	Val Leu Ser Glu Thr Thr Leu Ala Gln Pro Gln Ser Leu Glu Arg His			
	245	250	255	
	Lys Glu Gln Leu Leu Ala Ala Glu Pro Val Arg Ala Lys Leu Asp Arg			

360/360

	260	265	270
	Gln Arg Arg Val Phe Gln Pro Ser Pro Leu Ala Ser Gln Phe Glu Leu		
	275	280	285
	Pro Gly Asp Phe Phe Asn Leu Thr Ala Glu Glu Ile Lys Arg Glu Gln		
5	290	295	300
	Arg Leu Arg Ser Glu Ala Val Glu Arg Leu Ser Val Leu Arg Thr Lys		
	305	310	315 320
	Ala Met Arg Glu Lys Glu Glu Gln Arg Gly Leu Arg Lys Tyr Asn Tyr		
	325	330	335
10	Thr Leu Leu Arg Val Arg Leu Pro Asp Gly Cys Leu Leu Gln Gly Thr		
	340	345	350
	Phe Tyr Ala Arg Glu Arg Leu Gly Ala Val Tyr Gly Phe Val Arg Glu		
	355	360	365
	Ala Leu Gln Ser Asp Trp Leu Pro Phe Glu Leu Leu Ala Ser Gly Gly		
15	370	375	380
	Gln Lys Leu Ser Glu Asp Glu Asn Leu Ala Leu Asn Glu Cys Gly Leu		
	385	390	395 400
	Val Pro Ser Ala Leu Leu Thr Phe Ser Trp Asp Met Ala Val Leu Glu		
	405	410	415
20	Asp Ile Lys Ala Ala Gly Ala Glu Pro Asp Ser Ile Leu Lys Pro Glu		
	420	425	430
	Leu Leu Ser Ala Ile Glu Lys Leu Leu		
	435	440	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/08631

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl.⁷ C07K14/47, C12N15/12, C12N15/63, C07K19/00,
C07K14/00, C12N5/10, C07K16/18 // C12P21/02,
C12P21/08, (C12P21/02, C12R1:91)

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl.⁷ C07K14/47, C12N15/12, C12N15/63, C07K19/00,
C07K14/00, C12N5/10, C07K16/18, C12P21/02,
C12P21/08

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

SwissProt/PIR/GeneSeq, Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq,
BIOSIS (DIALOG), WPI (DIALOG)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
PA	EP, 1033401, A2 (GENSET), 06 September, 2000 (06.09.00) (Family: none)	1-9
A	Seishi Kato et al., "Construction of a human full-length cDNA bank", Gene (1994), Vol.150, No.2, pp.243-250	1-9

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not
considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing
date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is
cited to establish the publication date of another citation or other
special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other
means

"P" document published prior to the international filing date but later
than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or
priority date and not in conflict with the application but cited to
understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be
considered novel or cannot be considered to involve an inventive
step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be
considered to involve an inventive step when the document is
combined with one or more other such documents, such
combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
06 March, 2001 (06.03.01)

Date of mailing of the international search report
13 March, 2001 (13.03.01)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/08631

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

In claims 1 to 9, inventions relating to 80 human proteins, which are different in amino acid sequence from each other and the functions of which are unknown, are stated in a single claim.

No technical relationship involving any special technical features can be found out among the inventions claimed in these claims.

It is therefore concluded that they fail to satisfy the requirement of unity of invention.

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Inventions relating to SEQ ID NO:2 as set forth in claims 1 to 9

Remark on Protest ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC)) Int. Cl ⁷ C07K14/47, C12N15/12, C12N15/63, C07K19/00, C07K14/00, C12N5/10, C07K16/18 // C12P21/02, C12P21/08, (C12P21/02, C12R1:91)		
B. 調査を行った分野 調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC)) Int. Cl ⁷ C07K14/47, C12N15/12, C12N15/63, C07K19/00, C07K14/00, C12N5/10, C07K16/18, C12P21/02, C12P21/08		
最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの		
国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語) SwissProt/PIR/GeneSeq, Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, BIOSIS(DIALOG), WPI(DIALOG)		
C. 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
PA	EP, 1 0 3 3 4 0 1, A 2 (GENSET) 6. 9 月. 2 0 0 0 (0 6. 0 9. 0 0) ファミリーなし	1-9
A	Seishi Kato et al., "Construction of a human full-length cDNA bank", Gene(1994) Vol. 150, No. 2, p. 243-250	1-9
<input type="checkbox"/> C欄の続きにも文献が列挙されている。 <input type="checkbox"/> パテントファミリーに関する別紙を参照。		
* 引用文献のカテゴリー 「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの 「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの 「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す) 「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願 の日の後に公表された文献 「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの 「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの 「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの 「&」 同一パテントファミリー文献		
国際調査を完了した日 0 6. 0 3. 0 1	国際調査報告の発送日 1 3.03.01	
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/JP) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 本間 夏子 電話番号 03-3581-1101 内線 3488	

第Ⅰ欄 請求の範囲の一部の調査ができないときの意見 (第1ページの2の続き)

法第8条第3項(PCT17条(2)(a))の規定により、この国際調査報告は次の理由により請求の範囲の一部について作成しなかった。

1. ☐ 請求の範囲 _____ は、この国際調査機関が調査をすることを要しない対象に係るものである。つまり、
2. ☐ 請求の範囲 _____ は、有意義な国際調査をすることができる程度まで所定の要件を満たしていない国際出願の部分に係るものである。つまり、
3. ☐ 請求の範囲 _____ は、従属請求の範囲であってPCT規則6.4(a)の第2文及び第3文の規定に従って記載されていない。

第Ⅱ欄 発明の単一性が欠如しているときの意見 (第1ページの3の続き)

次に述べるようにこの国際出願に二以上の発明があるとこの国際調査機関は認めた。

請求項の範囲1-9は、それぞれ異なるアミノ酸配列を有し、機能が不明である80個のヒト蛋白質に関する発明が1つの請求項中に記載されている。
そして、クレームされた発明の間に、特別な技術的特徴を含む技術的な関係を見いだすことはできない。
よって、発明の単一性を満たしていないと認められる。

1. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料をすべて期間内に納付したので、この国際調査報告は、すべての調査可能な請求の範囲について作成した。
2. ☐ 追加調査手数料を要求するまでもなく、すべての調査可能な請求の範囲について調査することができたので、追加調査手数料の納付を求めなかった。
3. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を一部のみしか期間内に納付しなかったので、この国際調査報告は、手数料の納付のあった次の請求の範囲のみについて作成した。
4. ☒ 出願人が必要な追加調査手数料を期間内に納付しなかったので、この国際調査報告は、請求の範囲の最初に記載されている発明に係る次の請求の範囲について作成した。

・請求の範囲1-9における配列番号2に関する発明

追加調査手数料の異議の申立てに関する注意

- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがあった。
- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがなかった。

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2001年6月14日 (14.06.2001)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 01/42302 A1

(51) 国際特許分類: C07K 14/47, C12N 15/12, 15/63, C07K 19/00, 14/00, C12N 5/10, C07K 16/18 // C12P 21/02, 21/08, (C12P 21/02, C12R 1:91)

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 科学技術振興事業団 (JAPAN SCIENCE AND TECHNOLOGY CORPORATION) [JP/JP]; 〒332-0012 埼玉県川口市本町4丁目1番8号 Saitama (JP).

(21) 国際出願番号: PCT/JP00/08631

(22) 国際出願日: 2000年12月6日 (06.12.2000)

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてののみ): 加藤誠志 (KATO, Seishi) [JP/JP]; 〒229-0014 神奈川県相模原市若松3-46-50 Kanagawa (JP). 江口睦志 (EGUCHI, Chikashi) [JP/JP]; 〒228-0828 神奈川県相模原市麻溝台8-30-2 CLLエクセレンス麻溝台I 304号 Kanagawa (JP). 佐伯美帆呂 (SAEKI, Mihoro) [JP/JP]; 〒245-0063 神奈川県横浜市戸塚区原宿1-53-3 シャーレ原宿C101 Kanagawa (JP).

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:

特願平11/346863	1999年12月6日 (06.12.1999)	JP
特願平11/346864	1999年12月6日 (06.12.1999)	JP
特願平2000-31062	2000年2月8日 (08.02.2000)	JP
特願平2000-34091	2000年2月10日 (10.02.2000)	JP
特願平2000-34090	2000年2月10日 (10.02.2000)	JP
特願平2000-35829	2000年2月14日 (14.02.2000)	JP
特願平2000-35899	2000年2月14日 (14.02.2000)	JP
特願平2000-71161	2000年3月14日 (14.03.2000)	JP
特願平2000-160851	2000年5月30日 (30.05.2000)	JP

(74) 代理人: 弁理士 西澤利夫 (NISHIZAWA, Toshio); 〒150-0042 東京都渋谷区宇田川町37-10 麻仁ビル6階 Tokyo (JP).

(81) 指定国 (国内): CA, US.

添付公開書類:
— 国際調査報告書

2文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

(54) Title: HUMAN PROTEIN AND cDNA

WO 01/42302 A1

(54) 発明の名称: ヒト蛋白質とcDNA

(57) Abstract: A novel human protein; a DNA fragment encoding this protein; an expression vector; cells transformed by this expression vector; and an antibody against the above protein. This novel human protein is usable as a drug, a reagent for clarifying intracellular protein networks, and a protein source for screening a protein capable of binding to a low-molecular weight drug. The above DNA fragment is usable as a gene diagnostic probe, a gene therapy source, and a gene source for producing the above human protein on a mass scale. The above expression vector is usable in producing the above human protein *in vitro* or in various host cells. The cells with the excessive expression of the protein due to the gene transfer are usable in detecting a corresponding receptor or a ligand and screening a novel low-molecular weight drug. The above antibody against the above protein is usable as a means of purifying the protein and in examining the expression dose or location of the protein in cells.

[続葉有]



(57) 要約:

この出願は、新規なヒト蛋白質、蛋白質をコードしているDNA断片及び発現ベクター、また発現ベクターで形質転換した細胞、そして該蛋白質に対する抗体を提供する。この新規ヒト蛋白質は、医薬品、細胞内蛋白質ネットワークを解明するための研究試薬、低分子医薬と結合する蛋白質をスクリーニングするための蛋白質源として用いることができる。DNA断片は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療源、該ヒト蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。発現ベクターは、該ヒト蛋白質をインビトロまたは各種の宿主細胞内で生産するのに用いることができる。また、遺伝子を導入し蛋白質を過剰発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新規低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。そして、該蛋白質に対する抗体は、蛋白質を精製するための手段や細胞内における蛋白質の発現量や局在部位を調べるのに用いられる。

明細書

ヒト蛋白質とcDNA

5 技術分野

この出願の発明は、精製ヒト蛋白質、この蛋白質をコードしているDNA断片、このDNA断片の発現ベクター、この発現ベクターにより形質転換した各種の細胞、およびこの蛋白質に対する抗体に関するものである。この発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、この蛋白質は、細胞内蛋白質ネットワークを解明するための研究試薬として、あるいは低分子医薬と結合する蛋白質をスクリーニングするための蛋白質源として用いることができる。この発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このcDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらのDNAをインビトロ翻訳あるいは宿主細胞内で発現しうる発現ベクターは、この発明の蛋白質をインビトロあるいは各種の宿主細胞内で生産するのに用いることができる。これらの遺伝子を導入して蛋白質を過剰発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。この発明の蛋白質に対する抗体は、蛋白質を精製するための手段、あるいは細胞内における蛋白質の発現量や局在部位を調べるのに用いられる。

背景技術

ヒト蛋白質は、我々の身体を構成している細胞の基本要素である。その中には、(1) 細胞の形態を維持したり、細胞内の物質輸送や細胞運動に関わっている細胞骨格蛋白質、(2) 細胞内の物質代謝に関与する代謝酵素、(3) エネルギー産生に関わる蛋白質、(4) 細胞の増殖・分裂に関わる情報伝達蛋白質、(5) 蛋白質の合成に関わる翻訳関連蛋白質、(6) 蛋白質の分解に関わるプロテアーゼ関連蛋白質、(7) ゲノムの複製に関与する蛋白質、(8) 遺伝子の転写に関与する転写

因子、(9) mRNAのスプライシングに関与する核蛋白質などが含まれる。これらの蛋白質は、ヒト細胞の働きを解明する上で重要であるのみならず、医薬品の開発においても有用である。これまで知られている低分子化合物医薬の多くは、細胞内のある特定の蛋白質と結合し、その蛋白質の働きを増強したり、阻止したりすることによって、その薬効を表す。したがって、一揃いのヒト蛋白質を持っていれば、これらの低分子医薬をスクリーニングする際の有力な道具となる。

従来、ヒト蛋白質を得るには、ヒト組織や培養細胞をすりつぶした後、各種の分離法を組み合わせることで単一の蛋白質を精製する方法がとられてきた。これまで知られている蛋白質のように、含有量が高く、活性が分かっているものは、従来の方法で容易に単離精製できるが、まだ解析されていない蛋白質の多くは含量が低く、かつその性質によっては単離するのが困難である。また、ヒト組織の多くは入手困難である。したがって、従来のように蛋白質を単離精製する方法では、ヒト蛋白質を全てそろえることは不可能に近い。

15

一方、ヒト蛋白質の構造情報は、ヒトゲノムDNAに書かれているので、この情報をすべて読み取れば、全ヒト蛋白質の一次構造を推定することができる。ヒトゲノムプロジェクトの目的の一つはここにある。ただ、ゲノム解読の結果得られるのは、DNA配列情報だけであり、蛋白質そのものは得られない。細胞内では、ゲノムの情報はまずmRNAに転写され、mRNAの配列情報を翻訳して蛋白質が合成される。したがって、このmRNAを鋳型にして作製したcDNAが合成できれば、このcDNAを用いて対応する蛋白質も合成することが可能となる。そこで、各種細胞から単離したmRNAを鋳型にして、cDNAを合成し、cDNAの部分塩基配列を決定するいわゆるESTプロジェクトが進行している。

25

蛋白質の取得を目的とする場合、cDNAに要求される必須要件は、蛋白質の翻訳領域を全て含んでいること、いわゆる完全長cDNAであることである。しかしながら、従来法で合成したcDNAは、完全長である割合は低く、得られたものが

完全長かどうかを判定することも困難である。すなわち、ESTとして知られているものの多くは蛋白質の翻訳領域の一部のみ含んでいるcDNA断片である。

これに対して、この出願の発明者らは、独自の完全長cDNA合成技術を完成させている (Kato, S. et al., Gene 150:243-250, 1994)。そしてこの技術で合成したヒト完全長cDNAクローンを解析することにより、ヒト蛋白質を完全長cDNAの形で取得することが可能となった。この技術を用いてヒト完全長cDNAをすべてクローン化し、ヒト蛋白質バンクを作製することが望まれている。

10 また、これまでのヒト疾患に関する研究の結果、ほとんどの病気は何らかの形で遺伝子に異常があるために引き起こされることが明らかになりつつある。これらの病気を治療するためには、異常な遺伝子の代わりに正常な遺伝子を導入する遺伝子治療が有望視されている。この際も、ヒトの完全長cDNAは、遺伝子治療用の遺伝子源として用いることができる。

15

この出願の発明は、以上のとおりの事情に鑑みてなされたものであって、新規の精製ヒト蛋白質、この蛋白質をコードするDNA断片、このDNA断片の発現ベクター、この発現ベクターにより形質転換された細胞およびこの蛋白質に対する抗体を提供することを課題としている。

20

発明の開示

この出願は、前記の課題を解決するものとして、以下の(i)~(ix)の発明を提供する。

25 (i) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、9

6、98、100、102、104、106、108、110、112、114、
116、118、120、122、124、126、128、130、132、1
34、136、138、140、142、144、146、148、150、15
2、154、156、158、または160のいずれかのアミノ酸配列を有する精
5 製ヒト蛋白質。

(ii) 前記発明(i)の蛋白質をコードするDNA断片。

(iii) 前記発明(i)の蛋白質をコードするヒトcDNAであって、配列番号1、
10 3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、2
9、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、5
3、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、7
7、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、10
1、103、105、107、109、111、113、115、117、11
15 9、121、123、125、127、129、131、133、135、13
7、139、141、143、145、147、149、151、153、15
5、157、または159の翻訳領域の塩基配列を有するDNA断片。

(iv) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、2
20 3、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、4
7、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、7
1、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、9
5、97、99、101、103、105、107、109、111、113、1
15、117、119、121、123、125、127、129、131、13
25 3、135、137、139、141、143、145、147、149、15
1、153、155、157、または159のいずれかの塩基配列からなる前記発
明(iii)のDNA断片。

(v) 前記発明(ii)から(iv)のいずれかのDNA断片をインビトロ翻訳あるいは宿主細胞内で発現しうる発現ベクター。

(vi) 前記発明(ii)から(iv)のいずれかのDNA断片と発光蛋白質をコードするDNA断片との融合DNA断片を発現しうる前記発明(v)の発現ベクター。

(vii) 前記発明(vi)の発現ベクターの発現産物である発光蛋白質融合蛋白質。

(viii) 前記発明(v)または(vi)の発現ベクターによる形質転換体であって、前記発明(i)の蛋白質または前記発明(vii)の発光蛋白質融合蛋白質を生産しうる形質転換細胞。

(ix) 前記発明(i)記載の蛋白質に対する抗体。

15 図面の簡単な説明

図1は、クローンHP02573がコードするヒト蛋白質と、細菌GTP結合蛋白質CgpAのアミノ酸配列を比較した図である。

図2は、クローンHP02612がコードするヒト蛋白質と、マイコバクテリア50Sリボソーム蛋白質L9のアミノ酸配列を比較した図である。

20 図3は、クローンHP10117がコードするヒト蛋白質と、ブルセラリボソームリサイクルファクターのアミノ酸配列を比較した図である。

図4は、クローンHP10120がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質F45G2.10のアミノ酸配列を比較した図である。

25 図5は、クローンHP10421がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質B0261.4のアミノ酸配列を比較した図である。

図6は、クローンHP10582がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質108.7kDaのアミノ酸配列を比較した図である。

図7は、クローンHP10149がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質W

02A11. 2のアミノ酸配列を比較した図である。

図8は、クローンHP10160がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質ZK1248. 15のアミノ酸配列を比較した図である。

図9は、クローンHP10173がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質C504H5. 1のアミノ酸配列を比較した図である。

図10は、クローンHP02644がコードするヒト蛋白質と、線虫RNAヘリカーゼ様蛋白質のアミノ酸配列を比較した図である。

図11は、クローンHP03233がコードするヒト蛋白質と、分裂酵母推定ユビキノン生合成メチルトランスフェラーゼのアミノ酸配列を比較した図である。

10 図12は、クローンHP10437がコードするヒト蛋白質と、ヒトpp21ホモログのアミノ酸配列とを比較した図である。

図13クローンHP10525がコードするヒト蛋白質と、分裂酵母仮想蛋白質SPAC8C9. 11のアミノ酸配列を比較した図である。

図14は、クローンHP10543がコードするヒト蛋白質と、マウスロイシン
15 リッチドメイン相互作用蛋白質1のアミノ酸配列を比較した図である。

図15は、クローンHP03090がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質32. 0kDaのアミノ酸配列を比較した図である。

図16は、クローンHP03145がコードするヒト蛋白質と、分裂酵母ミトコンドリアパラヒドロキシベンゾエートポリプレニルトランスフェラーゼ様蛋白質の
20 アミノ酸配列を比較した図である。

図17は、クローンHP03185がコードするヒト蛋白質と、ヒトヒストンマクロH2A1. 2のアミノ酸配列を比較した図である。

図18は、クローンHP03324がコードするヒト蛋白質と、細菌リボソーム蛋白質L2のアミノ酸配列を比較した図である。

25 図19は、クローンHP10648がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質Y40B1B. 7のアミノ酸配列を比較した図である。

図20は、クローンHP10162がコードするヒト蛋白質と、ラット仮想蛋白質のアミノ酸配列を比較した図である。

図21は、クローンHP10334がコードするヒト蛋白質と、ヒトSH3ドメイン結合グルタミン酸リッチ様蛋白質のアミノ酸配列を比較した図である。

図22は、クローンHP10532がコードするヒト蛋白質と、ヒトアポトーシス関連蛋白質Bbkのアミノ酸配列を比較した図である。

- 5 図23は、クローンHP10559がコードするヒト蛋白質と、ヒト仮想蛋白質K1AA0276のアミノ酸配列を比較した図である。

図24は、クローンHP10562がコードするヒト蛋白質と、ヒト塩基性ロイシンジッパー蛋白質LZIPのアミノ酸配列を比較した図である。

- 10 図25は、クローンHP10456がコードするヒト蛋白質と、線虫BC-2様蛋白質のアミノ酸配列を比較した図である。

図26は、クローンHP10498がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質C24D19.6のアミノ酸配列を比較した図である。

図27は、クローンHP10505がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質F29B9.10のアミノ酸配列を比較した図である。

- 15 図28は、クローンHP10515がコードするヒト蛋白質と、ショウジョウバエ仮想蛋白質63B12.sのアミノ酸配列を比較した図である。

図29は、クローンHP01124がコードするヒト蛋白質と、ヒトアシルCoA結合蛋白質のアミノ酸配列を比較した図である。

- 20 図30は、クローンHP02241がコードするヒト蛋白質と、アフリカツメガエルリボソーム蛋白質L24様蛋白質のアミノ酸配列を比較した図である。

図31は、クローンHP10101がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質C32E8.5のアミノ酸配列を比較した図である。

図32は、クローンHP10370がコードするヒト蛋白質と、ショウジョウバエ仮想蛋白質CG11534のアミノ酸配列を比較した図である。

- 25 図33は、クローンHP10427がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質Y106G6H.8のアミノ酸配列を比較した図である。

図34は、クローンHP10516がコードするヒト蛋白質と、ショウジョウバエ仮想蛋白質CG14130のアミノ酸配列を比較した図である。

図35は、クローンHP10580がコードするヒト蛋白質と、ショウジョウバエ仮想蛋白質CG5469のアミノ酸配列を比較した図である。

発明を実施するための最良の形態

- 5 発明(i)の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、この出願によって提供されるアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは前記発明(ii)～(iv)のDNA断片を用いて組換えDNA技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換えDNA技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、前記発明(iii)または(iv)のDNA断片(cDNA)を有するベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビ
- 10 トロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベクターに組換えることにより、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞、植物細胞等の真核細胞で、DNA断片がコードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

15

- 発明(i)の蛋白質をインビトロ翻訳でDNA断片を発現させて生産させる場合には、例えば前記発明(iii)または(iv)のDNA断片の翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系
- 20 に添加すれば、前記発明(i)の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。

25

発明(i)の蛋白質を大腸菌などの微生物でDNA断片を発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、DNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、例えば前記発

明(iii)または(iv)のDNA断片の翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養すれば、このDNA断片がコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

10

発明(i)の蛋白質を、真核細胞でDNA断片を発現させて生産させる場合には、例えば前記発明(iii)または(iv)のDNA断片の翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入すれば、前記発明(i)の蛋白質を真核細胞内で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。また、pIND/V5-His、pFLAG-CMV-2、pEGFP-N1、pEGFP-C1などを発現ベクターとして用いれば、Hisタグ、FLAGタグ、GFPなど各種タグを付加した融合蛋白質として発現させることもできる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、前記発明(i)の蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リポソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

25

発明(i)の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせる行うことができる。例

例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

5

発明(i)の蛋白質には、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、または160のアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列からなるペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も
10 含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、前記発明(i)の蛋白質の多くは、翻訳された後、細胞内で各種修飾を受ける。したがって、これらの修飾された蛋白質も前記発明(i)の蛋白質の範囲に含まれる。このような翻訳後修飾としては、N末端メチオニンの脱離、N末端アセチル化、糖鎖付加、細胞内プロテアーゼによる限定分解、ミリスチル化、イソ
15 プレニル化、リン酸化などが例示できる。

発明(v)の発現ベクターは、発明(i)の蛋白質を前記のと通りのインビトロ翻訳あるいは宿主細胞内で発現しうるベクターである。または発明(vi)の発現ベクターは、発明(i)の蛋白質をコードするDNA断片(発明(ii)、(iii)または(iv))と発
25 光蛋白質をコードする融合DNA断片を発現するベクターである。発光蛋白質としては、緑色蛍光蛋白質(GFP、EGFP)、黄色蛍光蛋白質(EYFP)、青色蛍光蛋白質(ECFP)、赤色蛍光蛋白質(DsRed、以上Clontech社)、ウミシイタケ由来緑色蛍光蛋白質(hrGFP、Stratagen社)などが例示できる。発光蛋白質を融合させる位置

は、蛋白質のN末端あるいはC末端のいずれでもよい。これら発明(vi)の発現ベクターは、発明(i)の蛋白質と発光蛋白質との融合蛋白質(発明(vii))を発現し、例えば、細胞内局在部位のマーカーや2-ハイブリッド局在化法を用いる蛋白質-蛋白質相互作用検出用ライブラリーとして有用である。

5

(ii)~(iv)のDNA断片には、前記(i)の蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNA断片は、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法、ヒトゲノムライブラリーをスクリーニングする方法などを用いて取得することができる。

10

発明(iii)または(iv)のDNA断片(cDNA)は、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法(Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170, 1982)、Gubler-Hoffman法(Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269, 1983)などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法(Kato, S. et al., Gene 150:243-250, 1994)を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから目的のcDNAをクローン化するには、この出願によって提供される前記発明(iii)または(iv)のcDNA(配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、または159)

25

の任意部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはブランクハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、

5 ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、前記発明(iii)または(iv)のcDNA断片を調製することもできる。

発明(iii)のDNA断片は、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、または159の翻訳領域(Open Reading Frame: ORF)の塩基配列を有するcDNAであり、発明(iv)のDNA断片は、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、または159のいずれかの塩基配列からなるcDNAである。それぞれの配列番号、クローン番号(HP番号)、cDNAクローンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

表 1

配列番号		HP 番号	細胞	塩基数	アミノ酸残基数
1,	2	HP02573	胃癌	1323	284
3,	4	HP02612	Saos-2	1120	233
5,	6	HP10021	HT-1080	528	64
7,	8	HP10117	U937	1306	262
9,	10	HP10120	HT-1080	893	102
11,	12	HP10321	KB	597	158
13,	14	HP10416	胃癌	760	199
15,	16	HP10421	胃癌	806	250
17,	18	HP10582	HT-1080	3907	614
19,	20	HP10098	U937	901	199
21,	22	HP10106	U937	1274	326
23,	24	HP10111	U937	1000	50
25,	26	HP10149	U937	1087	176
27,	28	HP10151	U-2 OS	703	51
29,	30	HP10160	U937	921	190
31,	32	HP10173	HT-1080	584	125
33,	34	HP10200	HT-1080	875	176
35,	36	HP10327	KB	470	52
37,	38	HP02644	HT-1080	2920	859
39,	40	HP03233	HT-1080	1502	327
41,	42	HP10384	KB	737	86
43,	44	HP10431	肝臓	903	178
45,	46	HP10437	胃癌	1170	117
47,	48	HP10525	胃癌	404	86
49,	50	HP10543	HT-1080	752	179
51,	52	HP10565	胃癌	1222	189
53,	54	HP10570	HT-1080	1209	117
55,	56	HP03090	KB	1763	298
57,	58	HP03115	KB	1913	358
59,	60	HP03145	KB	1520	371
61,	62	HP03185	HT-1080	1731	372
63,	64	HP03324	U937	910	225
65,	66	HP10052	HT-1080	784	114
67,	68	HP10626	KB	984	140
69,	70	HP10633	HT-1080	864	85
71,	72	HP10637	HT-1080	2617	579
73,	74	HP10648	KB	1810	360
75,	76	HP10211	Saos-2	1620	126
77,	78	HP10332	胃癌	1349	285

79,	80	HP10641	KB	1355	329
81,	82	HP10650	KB	1543	233
83,	84	HP10654	KB	1436	183
85,	86	HP10657	U937	1357	380
87,	88	HP10659	U937	1399	260
89,	90	HP10681	HT-1080	1119	274
91,	92	HP10077	胃癌	540	101
93,	94	HP10162	Saos-2	1059	278
95,	96	HP10334	HT-1080	782	93
97,	98	HP10400	胃癌	417	57
99,	100	HP10410	胃癌	697	115
101,	102	HP10417	胃癌	1504	110
103,	104	HP10482	HT-1080	1046	133
105,	106	HP10499	胃癌	341	68
107,	108	HP10522	胃癌	1684	332
109,	110	HP10532	胃癌	727	159
111,	112	HP10552	Saos-2	1354	245
113,	114	HP10553	HT-1080	653	110
115,	116	HP10558	Saos-2	643	123
117,	118	HP10559	Saoa-2	1293	237
119,	120	HP10560	Saos-2	916	107
121,	122	HP10561	胃癌	1002	226
123,	124	HP10562	Saos-2	1753	395
125,	126	HP10564	Saos-2	668	22
127,	128	HP10569	KB	279	70
129,	130	HP10601	HT-1080	3367	695
131,	132	HP10456	U-2 OS	1290	199
133,	134	HP10498	Saos-2	564	118
135,	136	HP10503	Saos-2	904	114
137,	138	HP10505	Saos-2	472	87
139,	140	HP10511	胃癌	180	39
141,	142	HP10515	肝臓	473	102
143,	144	HP01124	肝臓	1664	341
145,	146	HP02241	胃癌	835	216
147,	148	HP10101	HT-1080	2465	396
149,	150	HP10370	KB	3600	451
151,	152	HP10427	胃癌	442	113
153,	154	HP10438	胃癌	726	222
155,	156	HP10502	HT-1080	1120	278
157,	158	HP10516	胃癌	747	221
159,	160	HP10580	胃癌	1441	441

なお、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、または159のいずれかの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、表1に示したヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、前記発明(iii)および(iv)のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

また、一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、または159において、1または複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／または他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAもこの発明の範囲に含まれる。

同様に、これらの変更によって生じる1または複数個のアミノ酸の付加、欠失および／または他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、5

6、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、または160のアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、この発明の範囲に含まれる。

前記発明 (iii) および (iv) のDNA断片には、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、または159の塩基配列のいかなる部分塩基配列からなるDNA断片 (10bp以上) も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範囲に含まれる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

20

前記発明 (vii) の抗体は、前記発明 (i) の蛋白質を抗原として用いて動物を免疫した後、血清から得ることが出来る。抗原としては配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、14

2、144、146、148、150、152、154、156、158、または160のアミノ酸配列に基づいて化学合成したペプチドや、真核細胞や原核細胞で発現させた蛋白質を用いることができる。あるいは、上記の真核細胞用発現ベクターを注射や遺伝子銃によって、動物の筋肉や皮膚に導入した後、血清を採取することによって作製することができる（例えば、特開平7-313187号公報記載の方法）。動物としては、マウス、ラット、ウサギ、ヤギ、ニワトリなどが用いられる。免疫した動物の脾臓から採取したB細胞をミエローマと融合させてハイブリドーマを作製すれば、前記発明(i)の蛋白質に対するモノクローナル抗体を産生することができる。

10

実施例

次に実施例を示してこの出願の発明をさらに詳細かつ具体的に説明するが、この出願の発明は以下の例によって限定されるものではない。なお、以下の実施例において、DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献("Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989)の記載の方法に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合は宝酒造社製のものを用いた。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献(Kato, S. et al., Gene 150:243-250, 1994)の記載に従った。

20

実施例1：cDNAクローニング

cDNAライブラリーとして、ヒト完全長cDNAライブラリー(WO97/33993、WO98/11217、WO98/21328記載)を用いた。個々のライブラリーから完全長cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行った。得られたクローン1~80の詳細は以下のとおりである。

25

1：HP02573

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP02573のcDNA

インサートの全塩基配列を決定したところ、26bpの5'非翻訳領域、855bpのORF、442bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号1）。ORFは284アミノ酸残基（配列番号2）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量32,126とほぼ同じ31kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、細菌GTP結合蛋白質CgpA（アクセシオン番号AAC69623）と類似性を有していた。図1に、このクローン1がコードするヒト蛋白質と細菌GTP結合蛋白質CgpAのアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端領域を除く全領域にわたって、37.2%の相同性を有していた。

また、クローン1cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA429983）が登録されていたが、部分配列なのでクローン1がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

GTP結合蛋白質は、細胞内情報伝達経路において重要な役割を果たしている。

2:HP02612

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2cDNAライブラリーから得られたクローンHP02612のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、17bpの5'非翻訳領域、702bpのORF、401bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号3）。ORFは233アミノ酸残基（配列番号4）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量26,038よりやや大きい29kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、ミトコンドリアに局在が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、マイコバクテリア50Sリボソーム蛋白質L9（アクセシオン番号P46385）

と類似性を有していた。図2に、クローン2がコードするヒト蛋白質とマイコバクテリア50Sリボソーム蛋白質L9のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端領域を除く全領域にわたって、30.3%の相同性
5 性を有していた。ミトコンドリアへの局在を考え合わせると、この発明の蛋白質はミトコンドリアリボソーム蛋白質の一つであり、N末端領域がミトコンドリア局在シグナル配列であると考えられる。

また、クローン2のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号
10 H79400）が登録されていたが、部分配列なのでクローン2がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

ミトコンドリアリボソーム蛋白質は、ミトコンドリアリボソームを構成する蛋白質の一つであり、ミトコンドリア内での翻訳システムに参与している。

15 3: HP10021

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10021のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、89bpの5' 非翻訳領域、195bpのORF、244bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号5）。ORFは64アミノ酸残基（配列番号
20 6）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

また、クローン3のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA156954）が登録されていたが、部分配列なのでクローン3がコードする
25 蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

4: HP10117

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP

10117のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、52bpの5'非翻訳領域、789bpのORF、465bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号7)。ORFは262アミノ酸残基(配列番号8)からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量29,259とほぼ同じ30kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、ミトコンドリアに局在が認められた(実施例4)。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ブルセラリボソームリサイクルファクター(アクセション番号P94340)と類似性を有していた。図3に、クローン4がコードするヒト蛋白質と、ブルセラリボソームリサイクルファクターのアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端領域を除く全領域にわたって、29.0%の相同性を有していた。ミトコンドリアへの局在を考え合わせると、この蛋白質はミトコンドリアリボソームリサイクルファクターであり、N末端領域がミトコンドリア局在シグナル配列であると考えられる。

また、クローン4のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号H67316)が登録されていたが、部分配列なのでクローン4がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

20 リボソームリサイクルファクターは、蛋白質合成終了時に、リボソームからmRNAをはずすのに必要な因子であり、リボソーム上での翻訳効率を上げる働きをしている。

5:HP10120

25 ヒトフィブ्रोサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10120のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、95bpの5'非翻訳領域、309bpのORF、489bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号9)。ORFは102アミノ酸残基(配列番号

10) からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,634よりやや大きい14kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた(実施例4)。

- 5 この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ線虫仮想蛋白質F45G2.10(アクセション番号CBA07619)と類似性を有していた。図4に、クローン5がコードするヒト蛋白質と線虫仮想蛋白質F45G2.10のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端73アミノ酸残基にわたって、50.7%の相同性を有していた。

また、クローン5のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号N44558)が登録されていたが、部分配列なのでクローン5がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15

6:HP10321

- ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP10321のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、20bpの5'非翻訳領域、477bpのORF、100bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号11)。ORFは158アミノ酸残基(配列番号12)からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量16,215よりやや大きい19kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた(実施例4)。

- 25 また、クローン6のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号AA010288)が登録されていたが、部分配列なのでクローン6がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

7: HP10416

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10416 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、96bp の 5' 非翻訳領域、600bp の ORF、64bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 13）。ORF は 199 アミノ酸残基（配列番号 14）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 22,340 とほぼ同じ 23 kDa の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と GFP との融合蛋白質は、核あるいは細胞質に粒子状の局在が認められた（実施例 4）。

また、クローン 7 の cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA218581）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 7 がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

8: HP10421

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10421 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、14bp の 5' 非翻訳領域、753bp の ORF、39bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 15）。ORF は 250 アミノ酸残基（配列番号 16）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 29,450 とほぼ同じ 30 kDa の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と GFP との融合蛋白質は、ミトコンドリアに局在が認められた（実施例 4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ線虫仮想蛋白質 B0261.4（アクセシオン番号 AAB52351）と類似性を有していた。図 5 に、クローン 8 がコードするヒト蛋白質と線虫仮想蛋白質 B0261.4 のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、* はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれぞれ表す。N 末を除く全領域において、35.8% の相同性を有していた。また、酵母のミトコンドリア 60S リボソーム蛋白質 L4 とも類似している。ミトコンドリアへの局

在を考え合わせると、この蛋白質はミトコンドリアリボソーム蛋白質の一つであり、N末端領域がミトコンドリア局在シグナル配列であると考えられる。

また、クローン8のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号
5 AA167086）が登録されていたが、部分配列なのでクローン8がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

ミトコンドリアリボソーム蛋白質は、ミトコンドリアリボソームを構成する蛋白質の一つであり、ミトコンドリア内での翻訳システムに関与している。

10 9:HP10582

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10582のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、131bpの5'非翻訳領域、1845bpのORF、1931bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号17）。ORFは614アミノ酸残基
15 （配列番号18）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量69,774とほぼ同じ70kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に網目状の発現が認められた。（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ線
20 虫仮想蛋白質108.7kDa（アクセシオン番号P49958）と類似性を有していた。図6に、クローン9がコードするヒト蛋白質と線虫仮想蛋白質108.7kDaのアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端領域602アミノ酸残基にわたって、30.2%の相同性を有していた。

25 また、クローン9のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA313350）が登録されていたが、部分配列なのでクローン9がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

10: HP10098

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP
10098のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、35bpの5'
5 非翻訳領域、600bpのORF、266bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有
していた(配列番号19)。ORFは199アミノ酸残基(配列番号20)からな
る蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量
21,750よりやや大きい24kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この
蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に粒状の発現が認められた(実施例4)。
10 また、クローン10のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したと
ころ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセシオン番
号H40208)が登録されていたが、部分配列なのでクローン10がコードする
蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。さらに、99.7%の相
同性を示すクローン(アクセシオン番号AX014145、WO 9954447-A)が登録されて
15 いたが、このクローンは、クローン10の139番目に相当するGが欠失している
ためフレームシフトを起こし、クローン10とは異なる蛋白質をコードしている。

11: HP10106

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP
20 10106のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、130bpの
5' 非翻訳領域、981bpのORF、163bpの3' 非翻訳領域からなる構造
を有していた(配列番号21)。ORFは326アミノ酸残基(配列番号22)か
らなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分
子量36,684よりやや大きい41kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。
25 この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた(実施例4)。

また、クローン11のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したと
ころ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセシオン番
号AA384225)が登録されていたが、部分配列なのでクローン11がコード

する蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

12: HP10111

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP
5 10111のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、32bpの5'
非翻訳領域、153bpのORF、815bpの3'非翻訳領域からなる構造を有
していた(配列番号23)。ORFは50アミノ酸残基(配列番号24)からなる
蛋白質をコードしていた。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量5,
547とほぼ同じ6kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFP
10 Pとの融合蛋白質は、細胞全体に網状の発現が認められた(実施例4)。

また、クローン12のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したと
ころ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセシオン番
号AL110141)が登録されていたが、部分配列なのでクローン12がコード
する蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15

13: HP10149

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP
10149のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、27bpの5'
非翻訳領域、531bpのORF、529bpの3'非翻訳領域からなる構造を有
20 していた(配列番号25)。ORFは176アミノ酸残基(配列番号26)からな
る蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量
20,734よりやや大きい23kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この
蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認められた(実施例4)。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、
25 線虫仮想蛋白質W02A11.2(アクセシオン番号CAB04889)と類似性
を有していた。図7に、クローン13がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質
W02A11.2のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の
蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれ

ぞれ表す。全領域にわたって、42.5%の相同性を有していた。

また、クローン13のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号T34989）が登録されていたが、部分配列なのでクローン13がコードする
5 蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。さらに、部分配列が一致するクローン（アクセシオン番号 AR070327、US 5892010）が登録されていたが、このクローンが、クローン13がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

10 14:HP10151

ヒト骨肉腫細胞株U-2 OS cDNAライブラリーから得られたクローンHP10151のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、66bpの5'非翻訳領域、156bpのORF、481bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号27）。ORFは51アミノ酸残基（配列番号28）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量6,
15 031とほぼ同じ6kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、ゴルジ体に局在が認められた（実施例4）。

また、クローン14のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA304503）が登録されていたが、部分配列なのでクローン14がコード
20 する蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15:HP10160

ヒトリンホーマ細胞株U937 DNAライブラリーから得られたクローンHP10160のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、203bpの5'非翻訳領域、573bpのORF、145bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号29）。ORFは190アミノ酸残基（配列番号30）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量
25

21, 481よりやや大きい25kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた(実施例4)。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質ZK1248.15(アクセシオン番号AAC71096)と類似性を有していた。図8に、クローン15がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質ZK1248.15のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側159アミノ酸残基にわたって、36.5%の相同性を有していた。

10 また、クローン15のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセシオン番号AA304503)が登録されていたが、部分配列なのでクローン15がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15 16:HP10173

ヒトフィブ्रोサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10173のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、40bpの5'非翻訳領域、378bpのORF、166bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号31)。ORFは125アミノ酸残基(配列番号32)からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量14,190とほぼ同じ15kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認められた(実施例4)。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質C04H5.1(アクセシオン番号CAB03840)と類似性を有していた。図9に、クローン16がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質C04H5.1のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似のアミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、35.5%の相同性を有していた。

また、クローン16のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA937773）が登録されていたが、部分配列なのでクローン16がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。さらに、部分
5 配列が一致するクローン（アクセシオン番号 AX011631、WO 9955858-A）が登録されていたが、このクローンは、5'末端がクローン16より 199bp 長く、クローン16とは異なる ORF を有している。

17: HP10200

10 ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10200のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、24bpの5' 非翻訳領域、531bpのORF、320bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号33）。ORFは176アミノ酸残基（配列番号34）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予
15 想される分子量18,408よりやや大きい24kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認められた（実施例4）。

また、クローン17のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA187416）が登録されていたが、部分配列なのでクローン17がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。さらに、95.6%の相同性を示すクローン（アクセシオン番号 AX015360、WO 9951727-A）が登録されていたが、このクローンは、クローン17の53番目に相当するCが欠失しているためフレームシフトを起こし、クローン17とは異なる蛋白質をコードしている。

25

18: HP10327

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10327のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、215bpの5' 非翻

訳領域、159bpのORF、96bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号35）。ORFは52アミノ酸残基（配列番号36）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量5,636とほぼ同じ6kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に網目状の発現が認められた。（実施例4）。

また、クローン18のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号A1097092）が登録されていたが、部分配列なのでクローン18がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

10

19: HPO2644

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHPO2644のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、72bpの5'非翻訳領域、2580bpのORF、268bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号37）。ORFは859アミノ酸残基（配列番号38）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量96,271より大きい150kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核小体に発現が認められた（実施例4）。

20 この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫RNAヘリカーゼ様蛋白質CELF55F8（アクセシオン番号AAB37806）と類似性を有していた。図10に、クローン19がコードするヒト蛋白質と、線虫RNAヘリカーゼ様蛋白質のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、31.6%の相同性を有していた。RNAヘリカーゼ様蛋白質は、リボソーム形成、転写、スプライシング、RNA成熟、RNA輸送、RNA分解、翻訳など、RNAに関る多くのプロセスに参与している。

25

また、クローン19のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したと

ころ、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号Z48570
やA74673）が登録されていたが、いずれも、クローン19のcDNAよりも
短い。また、ESTの中に90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシ
オン番号AA788907）が登録されていたが、部分配列なのでクローン19がコ
5 ードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

20 : HPO3233

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られ
たクローンHPO3233のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、
10 14bpの5' 非翻訳領域、984bpのORF、504bpの3' 非翻訳領域か
らなる構造を有していた（配列番号39）。ORFは327アミノ酸残基（配列番
号40）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予
想される分子量37, 116とほぼ同じ37kDaの翻訳産物が生成した（実施例
2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、ゴルジ体や小胞体に認められた（実
15 施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、
分裂酵母推定ユビキノン生合成メチルトランスフェラーゼ（アクセシオン番号CA
B09781）と類似性を有していた。図11に、クローン20がコードするヒト
蛋白質と、分裂酵母推定ユビキノン生合成メチルトランスフェラーゼの比較を示す。
20 ーはギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋
白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、43.7%の相同性
を有していた。

また、クローン20のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したと
ころ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番
25 号AA338101）が登録されていたが、部分配列なのでクローン20がコード
する蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

21 : HP10384

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10384のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、126bpの5' 非翻訳領域、261bpのORF、350bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号41）。ORFは86アミノ酸残基（配列番号42）からなる蛋白質をコードしていた。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量10, 128とほぼ同じ10kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体あるいは粒状、凝集塊状の発現が認められた（実施例4）。

また、クローン21のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AF150406）が登録されていたが、部分配列なのでクローン21がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

22 : HP10431

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP10431のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、84bpの5' 非翻訳領域、537bpのORF、282bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号43）。ORFは178アミノ酸残基（配列番号44）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量20, 277よりやや大きい23kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認めら、中には粒状の凝集塊も認められた（実施例4）。

また、クローン22のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AW160991）が登録されていたが、部分配列なのでクローン22がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

23 : HP10437

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10437のcDNA

インサートの全塩基配列を決定したところ、186bpの5'非翻訳領域、354bpのORF、630bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号45）。ORFは117アミノ酸残基（配列番号46）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量13,616より大きい22kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体あるいは核に局在が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトpp21ホモログ（アクセシオン番号AAF17229）と類似性を有していた。図12に、クローン23がコードするヒト蛋白質と、ヒトpp21ホモログとの比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、○はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、39.4%の相同性を有していた。pp21は転写延長因子SIIの類縁体である。

また、クローン23のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA322053）が登録されていたが、部分配列なのでクローン23がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

24:HP10525

ヒト胃癌DNAライブラリーから得られたクローンHP10525のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、104bpの5'非翻訳領域、261bpのORF、39bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号47）。ORFは86アミノ酸残基（配列番号48）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量10,110よりやや大きい14kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、分裂酵母仮想蛋白質SPAC8C9.11（アクセシオン番号AAC71096）と類似性を有していた。図13に、クローン24がコードするヒト蛋白質と、分裂

酵母仮想蛋白質 SPAC8C9.11 のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、44.0%の相同性を有していた。

また、クローン24のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA310786）が登録されていたが、部分配列なのでクローン24がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

25: HP10543

10 ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10543のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、94bpの5'非翻訳領域、540bpのORF、118bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号49）。ORFは179アミノ酸残基（配列番号50）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量19,070より大きい30kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体あるいは核に発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、マウスロイシンリッチドメイン相互作用蛋白質1（アクセシオン番号AAD17989）と類似性を有していた。図14に、クローン25がコードするヒト蛋白質と、マウスロイシンリッチドメイン相互作用蛋白質1のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.この発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端側138アミノ酸残基が、69.6%の相同性を有していた。

25 また、クローン25のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA434567）が登録されていたが、部分配列なのでクローン25がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

26 : HP10565

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10565 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、218bp の 5' 非翻訳領域、570bp の ORF、434bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 51）。ORF は 189 アミノ酸残基（配列番号 52）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 20,663 よりやや大きい 23 kDa の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と GFP との融合蛋白質は、ゴルジ体や小胞体に局在が認められた（実施例 4）。

10 また、クローン 26 の cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA258633）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 26 がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15 27 : HP10570

ヒトフィブロサルコーマ細胞株 HT-1080 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10570 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、94bp の 5' 非翻訳領域、354bp の ORF、761bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 53）。ORF は 117 アミノ酸残基（配列番号 54）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 12,767 とほぼ同じ 14 kDa の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と GFP との融合蛋白質は、ゴルジ体や小胞体に局在が認められた（実施例 4）。

20

また、クローン 27 の cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 W07113）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 27 がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

25

28: HPO3090

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHPO3090のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、25bpの5'非翻訳領域、897bpのORF、841bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号55）。ORFは298アミノ酸残基（配列番号56）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量33,212とほぼ同じ34kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、
10 線虫仮想蛋白質32.0kDa（アクセション番号Q09253）と類似性を有していた。図15に、クローン28がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質32.0kDaのアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、48.6%の相同性を有していた。また、この蛋白質の7番目
15 のロイシンから始まるC末端292アミノ酸残基は、ヒトCGI-150蛋白質（アクセション番号AAD34145）の213番目のロイシンから始まるC末端アミノ酸残基と一致した。

また、クローン28のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号
20 H06942）が登録されていたが、部分配列なのでクローン28がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

29: HPO3115

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHPO31
25 15のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、302bpの5'非翻訳領域、1077bpのORF、534bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号57）。ORFは358アミノ酸残基（配列番号58）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量4

0, 275とほぼ同じ39kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に粒子状の発現が認められた(実施例4)。

この蛋白質のアミノ酸配列の中には、C3HC4型の亜鉛フィンガー(RING
フィンガー)モチーフが存在した(42番目のシステインから51番目のアラニ
5ン)。

また、クローン29のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したと
ころ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセシオン番
号AA428229)が登録されていたが、部分配列なのでクローン29がコード
する蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

10

30:HP03145

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP031
45のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、31bpの5'非翻訳
領域、1116bpのORF、373bpの3'非翻訳領域からなる構造を有して
15いた(配列番号59)。ORFは371アミノ酸残基(配列番号60)からなる蛋
白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40,
463とほぼ同じ41kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とG
FPとの融合蛋白質は、ゴルジ体や小胞体に局在が認められた(実施例4)。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、
20 分裂酵母ミトコンドリアパラヒドロキシベンゾエートポリプレニルトランスフェラ
ーゼ様蛋白質(アクセシオン番号Q10252)と類似性を有していた。図16に、
クローン30がコードするヒト蛋白質と、分裂酵母ミトコンドリアパラヒドロキシ
ベンゾエートポリプレニルトランスフェラーゼ様蛋白質のアミノ酸配列の比較を示
す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明
25 の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端を除く全領域にわたって、4
6.4%の相同性を有していた。また、この蛋白質の198番目のメチオニンから
317番目のグルタミンまでの120アミノ酸残基は、ヒト仮想蛋白質(アクセシ
オン番号AAC72955)のN末端アミノ酸残基と一致した。

また、クローン30のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号N94036）が登録されていたが、部分配列なのでクローン30がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5

31:HP03185

ヒトフィブ्रोサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP03185のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、182bpの5' 非翻訳領域、1119bpのORF、430bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号61）。ORFは372アミノ酸残基（配列番号62）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40,033よりやや大きい44kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核や核小体に局在が認められた（実施例4）。

15 この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトヒストンマクロH2A1.2（アクセシオン番号AAC33433）と類似性を有していた。図17に、クローン31がコードするヒト蛋白質と、ヒトヒストンマクロH2A1.2のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、67.5%の相同性を有していた。ヒストンは染色体DNAと複合体を形成し、遺伝子発現の調節に関与している。

25 また、クローン31のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号A1878933）が登録されていたが、部分配列なのでクローン31がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

32:HP03324

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP

03324のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、20bpの5'非翻訳領域、678bpのORF、212bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号63)。ORFは225アミノ酸残基(配列番号64)からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量24,415とほぼ同じ25kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、ミトコンドリアに局在が認められた(実施例4)。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、細菌リボソーム蛋白質L2(アクセシオン番号AAD36563)と類似性を有していた。図18に、クローン32がコードするヒト蛋白質と、細菌リボソーム蛋白質L2のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。中間部135アミノ酸残基にわたって、44.4%の相同性を有していた。また、この蛋白質のN末端211アミノ酸残基は、ヒトCG1-22蛋白質(アクセシオン番号AAD27731)のN末端と99.1%の相同性を有していた。

また、クローン32のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセシオン番号R72376)が登録されていたが、部分配列なのでクローン32がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

33:HP10052

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10052のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、155bpの5'非翻訳領域、345bpのORF、284bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号65)。ORFは114アミノ酸残基(配列番号66)からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,770より大きい17kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた(実施例4)。

クローン33のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号A1815489）が登録されていたが、部分配列なのでクローン33がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5

34: HP10626

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10626のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、347bpの5' 非翻訳領域、423bpのORF、214bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号67）。ORFは140アミノ酸残基（配列番号68）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量14,555とほぼ同じ14kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核に発現が認められた（実施例4）。

クローン34のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA234649）が登録されていたが、部分配列なのでクローン34がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

35: HP10633

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10633のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、356bpの5' 非翻訳領域、258bpのORF、250bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号69）。ORFは85アミノ酸残基（配列番号70）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量9,771とほぼ同じ10kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

クローン35のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、

ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号R73005）が登録されていたが、部分配列なのでクローン35がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5 36: HP10637

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10637のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、120bpの5' 非翻訳領域、1740bpのORF、757bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号71）。ORFは579アミノ酸残基（配
10 列番号72）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認められ、中には粒状の凝集塊も認められた（実施例4）。

クローン36のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号A1929698）が登録されていたが、部分配列なのでクローン36がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。
15

37: HP10648

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10648のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、38bpの5' 非翻訳
20 領域、1083bpのORF、689bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号73）。ORFは360アミノ酸残基（配列番号74）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40,211より大きい50kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核に局在が認められた（実施例4）。

25 この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質Y40B1B.7（アクセシオン番号CAA21606）と類似性を有していた。図19に、クローン37がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質Y40B1B.7のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*この発明の

蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端側111アミノ酸残基が、43.2%の相同性を有していた。

また、クローン37のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号W39612）が登録されていたが、部分配列なのでクローン37がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

38: HP10211

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10211のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、216bpの5'非翻訳領域、381bpのORF、1023bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号75）。ORFは126アミノ酸残基（配列番号76）からなる蛋白質をコードしていた。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,758よりやや大きい14kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

クローン38のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号D81861）が登録されていたが、部分配列なのでクローン38がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

39: HP10332

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10332のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、184bpの5'非翻訳領域、858bpのORF、307bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号77）。ORFは285アミノ酸残基（配列番号78）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量32,158よりやや大きい35kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に見られたが、ゴルジ体や小胞体に発現する細胞も認めら

れた（実施例4）。

クローン39のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA025985）が登録されていたが、部分配列なのでクローン39がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

40: HP10641

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10641のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、78bpの5' 非翻訳領域、990bpのORF、287bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号79）。ORFは329アミノ酸残基（配列番号80）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量36,537より大きい42kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認められた（実施例4）。

クローン40のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号T09308）が登録されていたが、部分配列なのでクローン40がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。さらに、99.9%の相同性を示すクローン（アクセシオン番号AF161491）が登録されていたが、このクローンは、クローン40の865番目に相当するGが欠失しているためフレームシフトを起こし、クローン40とは異なる蛋白質をコードしている。

41: HP10650

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10650のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、28bpの5' 非翻訳領域、702bpのORF、813bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号81）。ORFは233アミノ酸残基（配列番号82）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量25,

846より大きい30kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に粒子状の発現が認められた（実施例4）。

クローン41のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA
5 494499）が登録されていたが、部分配列なのでクローン41がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

42:HP10654

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP106
10 54のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、30bpの5'非翻訳領域、552bpのORF、854bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号83）。ORFは183アミノ酸残基（配列番号84）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量21,077よりやや大きい24kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質
15 とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

クローン42のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA
459480）が登録されていたが、部分配列なのでクローン42がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

20

43:HP10657

ヒトリンホーマ細胞株U937cDNAライブラリーから得られたクローンHP
10657のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、101bpの
5'非翻訳領域、1143bpのORF、113bpの3'非翻訳領域からなる構
25 造を有していた（配列番号85）。ORFは380アミノ酸残基（配列番号86）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40,485とほぼ同じ41kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

クローン43のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号R25280）が登録されていたが、部分配列なのでクローン43がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5

44 : HP10659

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10659のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、73bpの5'非翻訳領域、783bpのORF、543bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号87）。ORFは260アミノ酸残基（配列番号88）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量30,815とほぼ同じ31kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に大きな凝集塊や粒状の発現が認められた（実施例4）。

15 クローン44のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA356158）が登録されていたが、部分配列なのでクローン44がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

20 45 : HP10681

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10681のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、151bpの5'非翻訳領域、825bpのORF、143bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号89）。ORFは274アミノ酸残基（配列番号90）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから25 予想される分子量31,045とほぼ同じ32kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認められ、粒子状の発現も認められた（実施例4）。

クローン45のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA406451）が登録されていたが、部分配列なのでクローン45がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5

46:HP10077

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10077のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、132bpの5'非翻訳領域、306bpのORF、102bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号91）。ORFは101アミノ酸残基（配列番号92）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,521とほぼ同じ11kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

クローン46のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、90%以上の相同性を有するもの（アクセシオン番号AF086207）が登録されていたが、相補配列であり蛋白質をコードしていなかった。また、ESTの中に90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号W48698やAF086207）が登録されていたが、部分配列なのでクローン46がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

20

47:HP10162

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2cDNAライブラリーから得られたクローンHP10162のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、32bpの5'非翻訳領域、837bpのORF、190bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号93）。ORFは278アミノ酸残基（配列番号94）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量31,844とほぼ同じ32kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に粒子状の発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ラット仮想蛋白質（アクセシオン番号 A A F 0 0 0 5 2）と類似性を有していた。図 20 に、クローン 47 がコードするヒト蛋白質と、ラット仮想蛋白質のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、84.9%の相同性を有していた。

また、クローン 47 の cDNA の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、EST の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 A A 3 7 7 0 4 0）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 47 がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

48 : H P 1 0 3 3 4

ヒトフィブロサルコーマ細胞株 HT-1080 cDNA ライブラリーから得られたクローン H P 1 0 3 3 4 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、102bp の 5' 非翻訳領域、282bp の ORF、398bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 95）。ORF は 93 アミノ酸残基（配列番号 96）からなる蛋白質をコードしていた。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 10,431 よりやや大きい 14kDa の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と GF-P との融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例 4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト SH3 ドメイン結合グルタミン酸リッチ様蛋白質（アクセシオン番号 N P _ 0 0 3 0 1 3）と類似性を有していた。図 21 に、クローン 48 がコードするヒト蛋白質と、ヒト SH3 ドメイン結合グルタミン酸リッチ様蛋白質のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、37.5%の相同性を有していた。

また、クローン 48 の cDNA の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したと

ころ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA299350）が登録されていたが、部分配列なのでクローン48がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5 49: HP10400

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10400のcDNA
インサートの全塩基配列を決定したところ、21bpの5' 非翻訳領域、174bp
pのORF、222bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号9
7）。ORFは57アミノ酸残基（配列番号98）からなる蛋白質をコードしてお
10 り、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量6,207よりやや大き
い8kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白
質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

クローン49のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号WO
15 5345）が登録されていたが、部分配列なのでクローン49がコードする蛋白質
と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

50: HP10410

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10410のcDNA
20 インサートの全塩基配列を決定したところ、64bpの5' 非翻訳領域、348bp
pのORF、285bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号9
9）。ORFは115アミノ酸残基（配列番号100）からなる蛋白質をコードし
ており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,506より大
きい14kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合
25 蛋白質は、細胞質と核に発現が認められた（実施例4）。

クローン50のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号T8
7538）が登録されていたが、部分配列なのでクローン50がコードする蛋白質

と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

51 : HP10417

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10417 の cDNA
5 インサートの全塩基配列を決定したところ、461bp の 5' 非翻訳領域、333
bp の ORF、710bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号
101）。ORF は 110 アミノ酸残基（配列番号 102）からなる蛋白質をコー
ドしており、インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 11,667 より
やや大きい 14kDa の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と GFP
10 との融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例 4）。

クローン 51 の cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、
EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号 C1
5811）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 51 がコードする蛋白質
と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15

52 : HP10482

ヒトフィブロサルコーマ細胞株 HT-1080 cDNA ライブラリーから得られ
たクローン HP10482 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、
123bp の 5' 非翻訳領域、402bp の ORF、521bp の 3' 非翻訳領域
20 からなる構造を有していた（配列番号 103）。ORF は 133 アミノ酸残基（配
列番号 104）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、高分子
量の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と GFP との融合蛋白質は、細
胞全体に発現が認められた（実施例 4）。

クローン 52 の cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、
25 プロフィラグリン（例えば、アクセッション番号 M60499）の相補配列と相同性
を有していた。また、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、
アクセッション番号 M62201）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 5
2 がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

53 : HP10499

ヒト胃癌 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10499のcDNA
インサートの全塩基配列を決定したところ、79番目のTGAを停止コドンではな
5 く、セレノシスチンと考えると、54bpの5' 非翻訳領域、207bpのOR
F、80bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号105）。O
RFは68アミノ酸残基（配列番号106）からなる蛋白質をコードしていた。こ
のORFの259番目の停止コドンの直前にGFP cDNAを融合させて、この蛋
白質とGFPとの融合蛋白質を発現させたところ、細胞全体に発現が認められた
10 （実施例4）。このORFには55番目のATGしか開始コドンが認められないに
もかかわらず融合蛋白質が発現したことから、79番目のTGAは停止コドンとし
て機能しておらず、セレノシスチンをコードしていると考えられる。

クローン53のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA
15 523172）が登録されていたが、部分配列なのでクローン53がコードする蛋
白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

54 : HP10522

ヒト胃癌 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10522のcDNA
20 インサートの全塩基配列を決定したところ、12bpの5' 非翻訳領域、999b
pのORF、673bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号1
07）。ORFは332アミノ酸残基（配列番号108）からなる蛋白質をコード
しており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量37, 512より
やや大きい41kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPと
25 の融合蛋白質は、ミトコンドリアに局在が認められた（実施例4）。

クローン54のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号CO
3423）が登録されていたが、部分配列なのでクローン54がコードする蛋白質

と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

55 : HP10532

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10532 の cDNA
5 インサートの全塩基配列を決定したところ、80bp の 5' 非翻訳領域、480bp
の ORF、167bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 109）。ORF は 159 アミノ酸残基（配列番号 110）からなる蛋白質をコード
していた。この蛋白質と GFP との融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた
（実施例 4）。

10 この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、
ヒトアポトーシス関連蛋白質 Bbk（アクセション番号 AR043361、US 特
許 5834234）と類似性を有していた。図 22 に、クローン 55 がコードする
ヒト蛋白質と、ヒトアポトーシス関連蛋白質 Bbk のアミノ酸配列の比較を示す。
ーはギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋
15 白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。この蛋白質は、ヒトアポトーシス関連蛋
白質 Bbk の 35 番目のプロリンと 36 番目のセリンの間にアルギニンが挿入され、
かつ Bbk の 143 番目のロイシンから 233 番目のトリプロファンまでの 91 ア
ミノ酸残基が欠失したものである。

また、クローン 55 の cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したと
20 ころ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番
号 AA251393）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 55 がコード
する蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

56 : HP10552

25 ヒト骨肉腫細胞株 Saos-2 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP
10552 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、132bp の
5' 非翻訳領域、738bp の ORF、484bp の 3' 非翻訳領域からなる構造
を有していた（配列番号 111）。ORF は 245 アミノ酸残基（配列番号 11

2) からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量27,609より大きい37kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、凝集塊として発現が認められた(実施例4)。

- 5 クローン56のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセッション番号A1929089)が登録されていたが、部分配列なのでクローン56がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

10 57:HP10553

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10553のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、169bpの5'非翻訳領域、333bpのORF、151bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号113)。ORFは110アミノ酸残基(配
15 列番号114)からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,387より大きい14kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた(実施例4)。

- クローン57のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
20 ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセッション番号Z43871)が登録されていたが、部分配列なのでクローン57がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

58:HP10558

- 25 ヒト骨肉腫細胞株Saos-2cDNAライブラリーから得られたクローンHP10558のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、39bpの5'非翻訳領域、372bpのORF、232bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号115)。ORFは123アミノ酸残基(配列番号116)か

らなる蛋白質をコードしていた。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量14,225より大きい20kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核小体に局在が認められた（実施例4）。

クローン58のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
5 ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA327056）が登録されていたが、部分配列なのでクローン58がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。さらに、アンチセンス鎖の部分配列が一致するクローン（アクセシオン番号 AX017850、WO 9946375-A）が登録されていたが、このクローンが、クローン58がコードする蛋白質と同じ
10 蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

59: HP10559

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10559のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、305bpの
15 5' 非翻訳領域、714bpのORF、274bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号117）。ORFは237アミノ酸残基（配列番号118）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核に局在が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、
20 ヒト仮想蛋白質K1AA0276（アクセシオン番号BAA13405）と類似性を有していた。図23に、クローン（D）がコードするヒト蛋白質と、ヒト仮想蛋白質K1AA0276のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、69.6%の相同性を有していた。

25 クローン59のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、90%以上の相同性を有するもの（アクセシオン番号A75334、特許WO9401548）が、またESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA099966）が登録されていたが、いずれも部分配列なの

でクローン59がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

60: HP10560

- 5 ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10560のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、147bpの5' 非翻訳領域、324bpのORF、445bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号119）。ORFは107アミノ酸残基（配列番号120）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認められた（実施例4）。

クローン60のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号C17870）が登録されていたが、部分配列なのでクローン60がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15

61: HP10561

- 20 ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10561のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、50bpの5' 非翻訳領域、681bpのORF、271bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号121）。ORFは226アミノ酸残基（配列番号122）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量22,581より大きい29kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核小体に局在が認められた（実施例4）。

- 25 クローン61のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号W84353）が登録されていたが、部分配列なのでクローン61がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

62 : HP10562

ヒト骨肉腫細胞株 S a o s - 2 c D N A ライブラリーから得られたクローン H P 10562 の c D N A インサートの全塩基配列を決定したところ、267bp の 5' 非翻訳領域、1188bp の O R F、298bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 123）。O R F は 395 アミノ酸残基（配列番号 124）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、O R F から予想される分子量 43, 405 より大きい 48 k D a の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と G F P との融合蛋白質は、粒子状の発現と細胞全体に弱く発現が認められた（実施例 4）。

- 10 この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト塩基性ロイシンジッパー蛋白質 L Z I P（アクセション番号 B A A 13405）と類似性を有していた。図 24 に、クローン 62 がコードするヒト蛋白質と、ヒト塩基性ロイシンジッパー蛋白質 L Z I P のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、* はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。中間領域 206 アミノ酸残基において、43.7% の相同性を有していた。

- クローン 62 の c D N A の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 A A 203110）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 62 がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

63 : HP10564

- ヒト骨肉腫細胞株 S a o s - 2 c D N A ライブラリーから得られたクローン H P 10564 の c D N A インサートの全塩基配列を決定したところ、53bp の 5' 非翻訳領域、69bp の O R F、546bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 125）。O R F は 22 アミノ酸残基（配列番号 126）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質と G F P との融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例 4）。

クローン63のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号A1879105）が登録されていたが、部分配列なのでクローン63がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5

64: HP10569

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10569のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、26bpの5' 非翻訳領域、213bpのORF、40bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた
10 （配列番号127）。ORFは70アミノ酸残基（配列番号128）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量8,691とほぼ同じ9kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

クローン64のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
15 ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号A1376841）が登録されていたが、部分配列なのでクローン64がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

65: HP10601

20 ヒトフィブ्रोサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10601のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、90bpの5' 非翻訳領域、2088bpのORF、1189bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号129）。ORFは695アミノ酸残基（配列番号130）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、
25 RFから予想される分子量76,105より大きい81kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核あるいは粒子状の発現が認められた（実施例4）。

クローン65のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、

ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号R97122）が登録されていたが、部分配列なのでクローン65がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5 66: HP10456

ヒト骨肉腫細胞株U-2 OS cDNAライブラリーから得られたクローンHP10456のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、99bpの5' 非翻訳領域、600bpのORF、591bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号131）。ORFは199アミノ酸残基（配列番号132）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量22,095より大きい31kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に凝集塊として発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、
15 線虫BC-2様蛋白質（アクセション番号AAD03134）と類似性を有していた。図25に、クローン66がコードするヒト蛋白質と、線虫BC-2様蛋白質のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、56.9%の相同性を有していた。

20 クローン66のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号C04706）が登録されていたが、部分配列なのでクローン66がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

25 67: HP10498

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10498のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、23bpの5' 非翻訳領域、357bpのORF、184bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有

していた（配列番号133）。ORFは118アミノ酸残基（配列番号134）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量13,466とほぼ同じ14Daの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

- 5 この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質C24D19.6（アクセション番号AAB88317）と類似性を有していた。図26に、クローン67がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質C24D19.6のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。中間部87アミノ酸残基にわたって、32.2%の相同性を有していた。

クローン67のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA431880）が登録されていたが、部分配列なのでクローン67がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15

68:HP10503

- ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10503のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、466bpの5'非翻訳領域、345bpのORF、93bpの3'非翻訳領域からなる構造を
20 有していた（配列番号135）。ORFは114アミノ酸残基（配列番号136）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

- クローン68のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA
25 305157）が登録されていたが、部分配列なのでクローン68がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

69:HP10505

ヒト骨肉腫細胞株 Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10505のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、89bpの5'非翻訳領域、264bpのORF、119bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号137)。ORFは87アミノ酸残基(配列番号138)からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量10,734より大きい14kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、ミトコンドリアに局在が認められた(実施例4)。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質F29B9.10(アクセション番号AAB09120)と類似性を有していた。なお、線虫仮想蛋白質F29B9.10は細菌30Sリボソーム蛋白質S21と弱い類似性を有している。図27に、クローン69がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質F29B9.10のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端を除く74アミノ酸残基にわたって、39.2%の相同性を有していた。

クローン69のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号AA029070)が登録されていたが、部分配列なのでクローン69がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

70: HP10511

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10511のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、48bpの5'非翻訳領域、120bpのORF、12bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた(配列番号139)。ORFは39アミノ酸残基(配列番号140)からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量3,939とほぼ同じ4kDaの翻訳産物が生成した(実施例2)。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に認められた(実施例4)。

クローン70のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA629178）が登録されていたが、部分配列なのでクローン70がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

5

71:HP10515

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP10515のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、34bpの5'非翻訳領域、309bpのORF、130bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号141）。ORFは102アミノ酸残基（配列番号142）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,259より大きい15kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に粒子状の発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、
15 ショウジョウバエ仮想蛋白質63B12.s（アクセション番号CAA15941）と類似性を有していた。図28に、クローン71がコードするヒト蛋白質と、ショウジョウバエ仮想蛋白質63B12.sのアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、32.4%の相同性を有していた。
20

クローン71のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA349062）が登録されていたが、部分配列なのでクローン71がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

25

72:HP01124

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP01124のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、105bpの5'非翻訳領域、102

6 b p の O R F、5 3 3 b p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 1 4 3）。O R F は 3 4 1 アミノ酸残基（配列番号 1 4 4）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、O R F から予想される分子量 3 7, 7 8 6 とほぼ同じ 3 7 k D a の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と G F P との融合蛋白質は、核に発現が認められた（実施例 4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトアシル C o A 結合蛋白質（アクセション番号 P 0 7 1 0 8）と類似性を有していた。図 2 9 に、クローン 7 2 がコードするヒト蛋白質と、ヒトアシル C o A 結合蛋白質のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、4 3. 0 % の相同性を有していた。

クローン 7 2 の c D N A の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に 9 0 % 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 N 4 1 5 4 2）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 7 2 がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

7 3 : H P 0 2 2 4 1

ヒト胃癌 c D N A ライブラリーから得られたクローン H P 0 2 2 4 1 の c D N A インサートの全塩基配列を決定したところ、8 9 b p の 5' 非翻訳領域、6 5 1 b p の O R F、9 5 b p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 1 4 5）。O R F は 2 1 6 アミノ酸残基（配列番号 1 4 6）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、O R F から予想される分子量 2 4, 8 9 9 より大きい 3 0 k D a の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と G F P との融合蛋白質は、細胞全体に一部凝集塊となって発現が認められた（実施例 4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、アフリカツメガエルリボソーム蛋白質 L 2 4 様蛋白質（アクセション番号 C A B 4 0 5 5 4）と類似性を有していた。図 3 0 に、クローン 7 3 がコードするヒト蛋白質と、アフリカツメガエルリボソーム蛋白質 L 2 4 様蛋白質のアミノ酸配列の比較

を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側208アミノ酸残基にわたって、69.7%の相同性を有していた。

- クローン73のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
- 5 ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AL038493）が登録されていたが、部分配列なのでクローン73がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

74: HP10101

- 10 ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10101のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、70bpの5' 非翻訳領域、1191bpのORF、1204bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号147）。ORFは396アミノ酸残基（配列番号148）からなる蛋白質をコードしていた。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量45,750より大きい54kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核内に粒状の発現が認められた（実施例4）。
- 15

- この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質C32E8.5（アクセシオン番号AAB42323）と類似性を有していた。図31に、クローン74がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質C32E8.5のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端側307アミノ酸残基にわたって、46.9%の相同性を有していた。
- 20

- クローン74のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、
- 25 ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA460870）が登録されていたが、部分配列なのでクローン74がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

75 : HP10370

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10370のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、148bpの5' 非翻訳領域、1356bpのORF、2096bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号149）。ORFは451アミノ酸残基（配列番号150）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ショウジョウバエ仮想蛋白質CG11534（アクセシオン番号AAF49957）と類似性を有していた。図32に、クローン75がコードするヒト蛋白質と、ショウジョウバエ仮想蛋白質CG11534のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端側382アミノ酸残基にわたって、36.9%の相同性を有していた。

クローン75のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA035322）が登録されていたが、部分配列なのでクローン75がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

20 76 : HP10427

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10427のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、11bpの5' 非翻訳領域、342bpのORF、89bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号151）。ORFは113アミノ酸残基（配列番号152）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、ゴルジ体に局在が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質Y106G6H. 8（アクセシオン番号CAB6338）と類似性

を有していた。図33に、クローン76がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質Y106G6H. 8のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、36. 9%の相同性を有していた。

- 5 クローン76のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号R76178）が登録されていたが、部分配列なのでクローン76がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

10 77: HP10438

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10438のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、11bpの5' 非翻訳領域、669bpのORF、46bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号153）。ORFは222アミノ酸残基（配列番号154）からなる蛋白質をコードし
15 ており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量25, 384よりやや大きい28kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核に発現が認められた（実施例4）。

クローン77のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA
20 088470）が登録されていたが、部分配列なのでクローン77がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

78: HP10502

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られ
25 たクローンHP10502のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、207bpの5' 非翻訳領域、837bpのORF、76bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号155）。ORFは278アミノ酸残基（配列番号156）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質

質は、核に発現が認められた（実施例4）。

クローン78のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA648423）が登録されていたが、部分配列なのでクローン78がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

79:HP10516

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10516のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、26bpの5'非翻訳領域、666bpのORF、55bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号157）。ORFは221アミノ酸残基（配列番号158）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ショウジョウバエ仮想蛋白質CG14130（アクセシオン番号AAF50005）と類似性を有していた。図34に、クローン79がコードするヒト蛋白質と、ショウジョウバエ仮想蛋白質CG14130のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、36.9%の相同性を有していた。

クローン79のcDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AW245556）が登録されていたが、部分配列なのでクローン79がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

80:HP10580

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10580のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、94bpの5'非翻訳領域、1326

b p の O R F、21 b p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 159）。O R F は 441 アミノ酸残基（配列番号 160）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質と G F P との融合蛋白質は、細胞質に凝集塊の発現が認められた（実施例 4）。

- 5 この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ショウジョウバエ仮想蛋白質 C G 5 4 6 9（アクセシオン番号 A A F 5 0 0 0 5）と類似性を有していた。図 35 に、クローン 80 がコードするヒト蛋白質と、ショウジョウバエ仮想蛋白質 C G 5 4 6 9 のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似ア
- 10 ミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、35.0%の相同性を有していた。

クローン 80 の c D N A の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 A I 1 8 8 7 4 1）が登録されていたが、部分配列なのでクローン 80 がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

15

実施例 2：インビトロ翻訳による蛋白質合成

- 実施例 1 で単離した c D N A を有するプラスミドベクターを用いて、T_nTウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [³⁵S]メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。
- 20

- 具体的な方法は次のとおりである。プラスミド 2 μ g を、T_nTウサギ網状赤血球溶解物 12.5 μ l、緩衝液（キットに付属）0.5 μ l、アミノ酸混合液（メチオニンを含まない）2 μ l、[³⁵S]メチオニン（アマーシャム社）2 μ l（0.37 MBq/μ l）、T7RNAポリメラーゼ 0.5 μ l、R N a s i n 20 U を含む総量 25 μ l の反応液中で 30℃、90 分間反応させた。反応液 3 μ l に S D S サンプリングバッファー（125 mM トリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% S D S 溶液、0.025% プロモフェノールブルー、20% グリセロール）2 μ l を加え、95℃ 3 分間加熱処理した後、S D S-
- 25

ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

実施例 3 : COS 7 細胞による発現

- 5 実施例 1 で単離した cDNA を保有する発現ベクターによって形質転換した大腸菌を $100 \mu\text{g}/\text{ml}$ アンピシリン含有 $2 \times \text{YT}$ 培地 2 ml 中で 37°C 2 時間培養した後、ヘルパーファージ M13KO7 ($50 \mu\text{l}$) を添加し、 37°C で一晚培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを $100 \mu\text{l}$ の 1 mM トリス- 0.1 mM EDTA、 pH 8 (TE) に懸濁した。

- サル腎臓由来培養細胞 COS 7 は、 10% ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、 $5\% \text{CO}_2$ 存在下、 37°C で培養した。 1×10^5 個の COS 7 細胞を 6 穴プレート (ヌンク社、穴の直径 3 cm) に植え、 $5\% \text{CO}_2$ 存在下、 37°C で 22 時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、
- 15 さらに 50 mM トリス塩酸 (pH 7.5) を含む DMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液 $1 \mu\text{l}$ 、DMEM 培地 0.6 ml 、TRANSFECTAM™ (IBF 社) $3 \mu\text{l}$ を懸濁したものを添加し、 $5\% \text{CO}_2$ 存在下、 37°C で 3 時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEM で細胞表面を洗浄し、 10% ウシ胎児血清含有 DMEM を 1 穴あたり 2 ml 加え、 $5\% \text{CO}_2$ 存在下、
- 20 37°C にて 2 日間培養した。培地を [^{35}S] システインあるいは [^{35}S] メチオニンを含む培地に交換した後、1 時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、細胞画分の蛋白質を SDS-PAGE にかけた。

実施例 4 : 緑色蛍光蛋白質 (GFP) 融合蛋白質の発現

- 25 EcoRI 認識部位を付加した翻訳開始コドンから始まる 26 mer のセンスプライマーと BamHI 認識部位を付加した停止コドンまでを含む 26 mer のアンチセンスプライマーを用い、目的蛋白質をコードする cDNA を鋳型として PCR により翻訳領域を増幅した。PCR 産物を EcoRI と BamHI で消化し、GFP 融合

蛋白質発現用ベクター pEGFP-N1 (Clontech社製) の EcoRI - BamHI 部位に挿入した。塩基配列を確認した後、得られた融合遺伝子発現ベクターを実施例3に記載の方法により COS7細胞にトランスフェクトした。蛍光顕微鏡により緑色蛍光の分布を観察し、目的蛋白質の局在部位を調べた。

5

実施例5：抗体の作製

EcoRI 認識部位を付加した翻訳開始コドンから始まる 26mer のセンスプライマーと SalI 認識配列を付加した停止コドンまでを含む 26mer のアンチセンスプライマーを用い、各 cDNA を鋳型として PCR により翻訳領域を増幅した。PCR 産物を EcoRI と SalI で消化し、pGEX-5X-1 (ファルマシア社製) の EcoRI と SalI 部位に挿入した。塩基配列を確認した後、宿主大腸菌 JM109 の形質転換を行った。LB 培地中で 37℃、5 時間培養し、IPTG を最終濃度が 0.4 mM になるように加え、さらに 37℃ で 4 時間培養した。菌体を遠心により分離し、溶解溶液 (50 mM Tris-HCl pH 7.5、1 mM EDTA、0.2 mM PMSF) に溶かし、一度 -80℃ で凍結させ融解させた後、超音波破碎を行った。10,000 x g で 30 分遠心し、上清にグルタチオンセファロース 4B を加え、4℃ で 1 時間インキュベートした。ビーズを十分洗浄した後、溶出溶液 (50 mM Tris-HCl pH 7.5、50 mM グルタチオン) で融合蛋白質を溶出した。得られた融合蛋白質を抗原として家兔に常法により免疫を行い抗血清を得た。抗血清はまず、40% 飽和硫酸沈殿画分を GST アフィニティーカラムにより GST 抗体を除いた。素通り画分をさらに GST 融合蛋白質の抗原カラムにより精製した。

10

15

20

産業上の利用可能性

以上詳しく説明したとおり、この出願によって、新規な精製ヒト蛋白質、これらの蛋白質をコードしている DNA 断片、この DNA 断片の発現ベクター、この発現ベクターによる形質転換細胞、およびこの蛋白質に対する抗体が提供される。この出願によって提供される蛋白質は、いずれも細胞内で機能している蛋白質と考えら

25

れるため、細胞内ターゲット蛋白質として、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。またこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。この出願によって提供されるDNA断片は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNA断片を用いることにより、この蛋白質を大量に発現

5 することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、この蛋白質の修飾型を得るのに利用できる。この出願によって提供される抗体は、この発明の蛋白質の検出、定量、精製などに利用できる。

請求の範囲

1. 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、
24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、4
5 8、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、7
2、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、9
6、98、100、102、104、106、108、110、112、114、
116、118、120、122、124、126、128、130、132、1
34、136、138、140、142、144、146、148、150、15
10 2、154、156、158、または160のいずれかのアミノ酸配列を有する精
製ヒト蛋白質。

2. 請求項1の蛋白質をコードするDNA断片。

15 3. 請求項1の蛋白質をコードするヒトcDNAであって、配列番号1、3、
5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、3
1、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、5
5、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、7
9、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、1
20 03、105、107、109、111、113、115、117、119、12
1、123、125、127、129、131、133、135、137、13
9、141、143、145、147、149、151、153、155、15
7、または159の翻訳領域の塩基配列を有するDNA断片。

25 4. 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、2
3、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、4
7、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、7
1、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、9

5、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、または159のいずれかの塩基配列からなる請求項5のDNA断片。

5. 請求項2から4のいずれかのDNA断片をインビトロ翻訳あるいは宿主細胞内で発現しうる発現ベクター。

10 6. 請求項2から4のいずれかのDNA断片と発光蛋白質をコードするDNA断片との融合DNA断片を発現しうる請求項5の発現ベクター。

7. 請求項6の発現ベクターの発現産物である発光蛋白質融合蛋白質。

15 8. 請求項5または6の発現ベクターによる形質転換体であって、請求項1の蛋白質または請求項7の発光蛋白質融合蛋白質を生産しうる形質転換細胞。

9. 請求項1記載の蛋白質に対する抗体。